

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/51727 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 14. Oktober 1999 (14.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01070 (22) Internationales Anmeldedatum: 31. März 1999 (31.03.99) (30) Prioritätsdaten: 198 16 395.9 3. April 1998 (03.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL OVARY TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARNORMALGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal ovary tissue, coding for genetic products or parts thereof. The invention also relates to the use thereof. The invention further relates to polypeptides that can be obtained using said sequences and to the use thereof. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovarnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidshan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauritanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovamnorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus normalem
5 Ovargewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale
Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren
Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und
deren Verwendung.

10 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen
Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B.
Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,
führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen
25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum
Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank
30 verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also,
die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für
normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von
verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-
35 Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares
Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide).
Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können
ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind.
40 Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen
eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein
völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.
Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit
45 die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn
zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die
Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende
ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,
50 Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene
Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.

15

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

20

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.

25

- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

30

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

35

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, die im Ovarnormalgewebe erhöht exprimiert sind.

45

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 hybridisieren.

50

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine
5 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq ID No. 104-217, 230-253.

10 Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq ID No. 104-217, 230-253 aufweisen.

15 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

20 Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phase Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch
25 Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 zur
35 Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 als Arzneimittel in der Gentherapie zur
40 Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq ID No. 104-217, 230-253 enthalten.

45 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und
50 deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq ID No. 1-100,

218-229, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen
10 Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

15 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 31, 36, 40, 42, 53, 60, 68, 72, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

	Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
5	ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
	Contig=	Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).
10	Singleton=	Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.
	Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
15	N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
	X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren
20		

Erklärung zu den Alignmentparametern

25	minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
	maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
	maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

30

Erklärung der Abbildungen

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
35	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
40	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
45	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und
15 dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen
20 Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.
25 Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovarnormalgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es
35 wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet.
40 Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt. Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen
45 Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken
50 verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. .90 gefunden, die .9,2 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

30

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

35

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
	Blase	0.0156	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Brust	0.0166	0.0056	0.0056	2.9490	0.3391	
40	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.0165	0.3707	2.6973	
	Eierstock	0.0240	0.0026	0.0026	9.2101	0.1086	
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.0125	0.2717	3.6805	
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.0123	0.3600	2.7779	
45	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0037	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Herz	0.0011	0.0137	0.0137	0.0771	12.9706	
	Hoden	0.0230	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
50	Lunge	0.0010	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.0060	0.2856	3.5020	
	Niere	0.0136	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Pankreas	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	

	Penis	0.0090	0.0267	0.33692.9678
	Prostata	0.0044	0.0106	0.40952.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.12230.8911
5	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

	FOETUS	
15	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
25	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
35	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0291

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 3 gefunden, die 10,3.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:3

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
15	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0153	0.0056	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0026	10.3610	0.0965
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0000	undef	0.0000
20	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0000	undef	0.0000
25	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209	1.6105
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
30	Niere	0.0244	0.0205	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
35	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0178			
40	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
45	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
50	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0124
55	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

60

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
Brust		0.0000

	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefäßesse	0.0036
	Lunge	0.0217
5	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

10

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Häufigkeit

	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
15	Eierstock_t	0.0405
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0181
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
20	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
25	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

30

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0064	0.0150	0.4253	2.3511
	Duenn darm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
10	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0062	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
20	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0060	2.2844	0.4378
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0533	0.3369	2.9678
25	Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0222			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL		TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052	0.0010	0.0010	5.0397	0.1984
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	0.0106	1.4331	0.6978
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032				
	Prostata-Hyperplasie	0.0059				
	Samenblase	0.0089				
30	Sinnesorgane	0.0118				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113				
	Zervix	0.0000				
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0083				
	Gehirn	0.0063				
40	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefuesse	0.0036				
	Lunge	0.0036				
45	Nebenniere	0.0254				
	Niere	0.0309				
	Placenta	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000				
55	Eierstock_n	0.0000				
	Eierstock_t	0.0203				
	Endokrines_Gewebe	0.0245				
	Foetal	0.0012				
	Gastrointestinal	0.0000				
60	Haematopoetisch	0.0057				
	Haut-Muskel	0.0000				
	Hoden	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Nerven	0.0040				
65	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
	Uterus_n	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832	0.2449
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0052	4.0294	0.2482
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0205	0.2520	3.9685
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0114	0.0020	5.5884	0.1789
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0070
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0089	0.0031	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0163	0.0154	1.0559	0.9470
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0331			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0067	0.0041	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0125	1.2226	0.8179
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0266	0.0246	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0191	0.0412	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0116	0.0331	0.3490	2.8653
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0305	0.0341	0.8957	1.1165
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0751			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0911			
55	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0437			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0680			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0432			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0387			
65	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0204	1.9068	0.5244
	Brust	0.0895	0.0357	2.5072	0.3988
	Duennndarm	0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0449	0.0130	3.4538	0.2895
	Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0201	1.1038	0.9060
10	Gastrointestinal	0.0402	0.0093	4.3488	0.2299
	Gehirn	0.0296	0.0298	0.9930	1.0070
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0329	0.0275	1.1950	0.8368
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0239	0.0041	5.8424	0.1712
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0537	0.7203	1.3883
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0120	3.8549	0.2594
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0958	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0392	0.0149	2.6322	0.3799
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0204	3.7409	0.2673
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0236			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0468	0.0230	2.0339	0.4917
	Brust	0.0972	0.0526	1.8471	0.5414
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.1198	0.0156	7.6750	0.1303
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0125	2.5811	0.3874
	Gastrointestinal	0.0441	0.0324	1.3608	0.7348
	Gehirn	0.0229	0.0185	1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0428	0.0065	6.6177	0.1511
	Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0457	0.0184	2.4837	0.4026
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0685	0.0720	0.9518	1.0506
	Niere	0.0516	0.0068	7.5339	0.1327
25	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0240	0.0192	1.2511	0.7993
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0915	0.0340	2.6934	0.3713
	Uterus_allgemein	0.1579	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0863			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0745			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0289			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0377			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.4785			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0419			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0179	1.3075	0.7648
	Brust	0.0397	0.0094	4.2193	0.2370
	Duenn darm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
	Eierstock	0.0509	0.0130	3.9143	0.2555
	Endokrines Gewebe	0.0426	0.0226	1.8868	0.5300
10	Gastrointestinal	0.0460	0.0185	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0111	0.0185	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0322	0.0123	2.6248	0.3810
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0240	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0217	0.0205	1.0574	0.9457
	Pankreas	0.0215	0.0110	1.9445	0.5143
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0866	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0103	0.6480	1.5433
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata	0.0087	0.0192	0.4549	2.1981
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0810			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0234	0.4653	2.1492
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0037	0.0144	0.2571	3.8891
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0061	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0735			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0094	1.0888	0.9184
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0130	2.0723	0.4826
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074	0.0072	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0277	0.3937	2.5400
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0405			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999	0.8334
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
70	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
75	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
80	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0130			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0300	0.3427	2.9183
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0952			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0251	0.9509	1.0516
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
20	Lunge	0.0208	0.0266	0.7816	1.2794
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
25	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0213	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
35	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
	Brust	0.0345	0.0075	4.5936	0.2177
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0571	0.0137	2.6984	0.3706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0260	0.0225	1.1546	0.8661
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0102	0.0019	5.4442	0.1837
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0307	0.0301	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
10	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0072	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0093	0.0020	4.5723	0.2187
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0204	2.6695	0.3746
	Brust	0.0397	0.0075	5.2741	0.1896
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0103	0.0051	2.0159	0.4961
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0041	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0120	1.5705	0.6367
20	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0362	0.8430	1.1863
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0816			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust 0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0166	0.2991	3.3428
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0131	0.0085	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064	-		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0056			
	Gehirn 0.0375			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0121			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0408			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0253			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0087			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0162			
	Hoden 0.0154			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0151			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0155			
	Uterus_n 0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0214	0.0072	2.9827	0.3353
	Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0041	2.2862	0.4374
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0128		0.6102	1.6389
	Brust	0.0026		0.0019		1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0240		0.0052		4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0051		0.0050		1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0046		1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0089		0.0236		0.3756	2.6622
	Haematopoetisch	0.0147		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0129		0.0000	undef
15	Herz	0.0074		0.0275		0.2698	3.7059
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0093		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0483		0.0000		undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
20	Niere	0.0163		0.0068		2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0149		0.0110		1.3462	0.7429
	Penis	0.0030		0.0533		0.0562	17.8070
	Prostata	0.0087		0.0021		4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0204		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		-			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0194					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0145					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0040					
	Prostata	0.0068					
	Sinnesorgane	0.1703					
65	Uterus_n	0.0208					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
-35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0150	0.2552	3.9185
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0569	0.0078	7.2913	0.1371
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0150	1.1321	0.8833
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0164	0.3150	3.1748
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0375
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0253
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0151
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0194
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0342
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0230	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0100	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0287	0.0231	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0037	0.0123	0.3000	3.3335
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0156	0.0061	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0153	3.1513	0.3173
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0153	0.0255	0.5971	1.6747
	Uterus Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus Myometrium	0.0381	0.0000	undef	0.0000
	Uterus allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0286			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0869	0.9871	1.0131
	Brust	0.0985	0.1128	0.8733	1.1450
	Duennndarm	0.0766	0.0496	1.5447	0.6474
	Eierstock	0.1707	0.0702	2.4304	0.4114
	Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0602	0.8774	1.1398
10	Gastrointestinal	0.0862	0.1619	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0806	0.1191	0.6765	1.4782
	Haematopoetisch	0.1123	0.0758	1.4821	0.6747
	Haut	0.0771	0.0847	0.9097	1.0992
	Hepatisch	0.0333	0.1423	0.2340	4.2743
15	Herz	0.0774	0.0550	1.4070	0.7107
	Hoden	0.0518	0.1286	0.4025	2.4843
	Lunge	0.0602	0.0634	0.9505	1.0521
	Magen-Speiserohre	0.0773	0.1073	0.7203	1.3883
	Muskel-Skelett	0.0719	0.1500	0.4797	2.0845
20	Niere	0.0434	0.1232	0.3525	2.8372
	Pankreas	0.0595	0.2099	0.2834	3.5285
	Penis	0.0419	0.0533	0.7862	1.2719
	Prostata	0.1417	0.1277	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1525	0.0679	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.1681	0.1908	0.8807	1.1355
	Brust-Hyperplasie	0.0767			
	Prostata-Hyperplasie	0.1397			
	Samenblase	0.1157			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0858			
	Zervix	0.0958			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

FOETUS
%Haeufigkeit

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.1250
Gehirn	0.1439
Haematopoetisch	0.0472
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefuesse	0.0569
Lunge	0.0975
Nebenniere	0.0761
Niere	0.1112
Placenta	0.0727
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0251

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0304
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0041
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0309
Lunge	0.0000
Nerven	0.0211
Prostata	0.0957
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0179	0.2179	4.5888
	Brust	0.0128	0.0094	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0139	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.0140	0.0164	0.8550	1.1697
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.1695	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0114	0.0143	0.7983	1.2526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0128	1.1942	0.8374
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0278			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0748			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0050			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0537	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0613	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0421	0.0278	1.5186	0.6585
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0476	0.1294	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0170	0.5636	0.0301	33.2371
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.2176	0.0060	36.2649	0.0276
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0532	0.9008	1.1101
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0180	0.0026	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0545	0.0025	21.7359	0.0460
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0741			
	Placenta	0.0727			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0195		0.0179		1.0896	0.9178
	Brust	0.0205		0.0113		1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0210		0.0026		8.0588	0.1241
	Endokrines Gewebe	0.0102		0.0075		1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0093		0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0229		0.0185		1.2399	0.8065
	Haematopoetisch	0.0160		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0259		0.0000	undef
15	Herz	0.0064		0.0137		0.4626	2.1618
	Hoden	0.0173		0.0234		0.7380	1.3551
	Lunge	0.0125		0.0041		3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137		0.0120		1.1422	0.8755
20	Niere	0.0081		0.0137		0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0033		0.0055		0.5983	1.6714
	Penis	0.0150		0.0533		0.2808	3.5614
	Prostata	0.0218		0.0128		1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0135		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0136		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0357		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0297					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113					
	Zervix	0.0106					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0188					
40	Haematopoetisch	0.0236					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0142					
	Lunge	0.0217					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0076					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0211					
	Prostata	0.0342					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0716	1.3620	0.7342
	Brust	0.1292	0.0733	1.7624	0.5674
	Duenn darm	0.0429	0.0496	0.8651	1.1560
	Eierstock	0.1917	0.0624	3.0700	0.3257
10	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0226	3.5472	0.2819
	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0939	0.2126	0.4417	2.2639
	Haematopoetisch	0.0441	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.1358	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
	Herz	0.1441	0.3986	0.3616	2.7658
	Hoden	0.0863	0.0234	3.6898	0.2710
20	Lunge	0.0862	0.0818	1.0542	0.9486
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
	Muskel-Skelett	0.1645	0.2580	0.6375	1.5686
	Niere	0.0299	0.1096	0.2726	3.6683
25	Pankreas	0.0264	0.1215	0.2176	4.5964
	Penis	0.1856	0.1333	1.3927	0.7180
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.1013	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0747	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.1833	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0895			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
35	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0823			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1145			
	Zervix	0.1278			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0861			
45	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.1210			
	Lunge	0.0867			
	Nebenniere	0.1014			
	Niere	0.0618			
55	Placenta	0.1030			
	Prostata	0.1745			
	Sinnesorgane	0.0251			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0122			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
75	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0026		0.0000	undef
	Brust	0.0141		0.0132		1.0694	0.9351
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0270		0.0052		5.1807	0.1930
10	Endokrines_Gewebe	0.0102		0.0276		0.3705	2.6991
	Gastrointestinal	0.0172		0.0139		1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0074		0.0185		0.4000	2.5001
	Haematopoetisch	0.0201		0.0000		undef	0.0000
15	Haut	0.0184		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0053		0.0137		0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
20	Lunge	0.0499		0.0225		2.2169	0.4511
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0307		0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0120		0.0060		1.9989	0.5003
	Niere	0.0054		0.0274		0.1983	5.0439
25	Pankreas	0.0083		0.0221		0.3739	2.6743
	Penis	0.0090		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0109		0.0064		1.7060	0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0089					
35	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0503					
	Zervix	0.0106					
40	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0111					
45	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0181					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
55	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.3129					
	Eierstock_n	0.0000					
65	Eierstock_t	0.1164					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0274					
	Gastrointestinal	0.0000					
70	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
75	Nerven	0.0070					
	Prostata	0.0137					
	Sinnesorgane	0.0619					
	Uterus_n	0.0375					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0599	0.0078	7.6750	0.1303
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381	7.2434
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0136	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.1174			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.2582	0.0604	16.5526
	Brust 0.0205	0.0357	0.5731	1.7450
	Duennndarm 0.0061	0.0662	0.0927	10.7893
	Eierstock 0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe 0.0460	0.0326	1.4107	0.7088
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0015	0.0698	0.0212	47.2249
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0184	0.5085	0.0361	27.7007
	Hepatisch 0.0190	0.0518	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett 0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
20	Niere 0.0434	0.0137	3.1722	0.3152
	Pankreas 0.0198	0.0276	0.7180	1.3928
	Penis 0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0305	0.1358	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0696			
	Gastrointestinal 0.3554			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.2281			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 1.6381			
	Herz-Blutgefuesse 0.0427			
	Lunge 0.1337			
45	Nebenniere 1.0903			
	Niere 0.6857			
	Placenta 0.6847			
	Prostata 0.0499			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0544			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.1063			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.4170			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0448	0.0132	3.4026	0.2939
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0251	0.7472	1.3384
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0333	0.0236	1.4086	0.7099
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz	0.0180	0.0687	0.2621	3.8149
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0280	0.0204	1.3717	0.7290
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0230	2.1009	0.4760
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
20	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0320			
	Lunge	0.0361			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0274			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0648			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0211			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.1316			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0307	1.1441	0.8741		
	Brust	0.0422	0.0470	0.8983	1.1132		
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0839	0.0156	5.3725	0.1861		
	Endokrines Gewebe	0.0307	0.0351	0.8733	1.1451		
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658		
	Gehirn	0.0266	0.0185	1.4399	0.6945		
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800		
15	Herz	0.0297	0.0550	0.5397	1.8529		
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082		
	Lunge	0.0229	0.0184	1.2419	0.8052		
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933		
	Muskel-Skelett	0.0291	0.0180	1.6181	0.6180		
20	Niere	0.0407	0.0205	1.9826	0.5044		
	Pankreas	0.0248	0.0718	0.3452	2.8971		
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0414	0.0341	1.2156	0.8227		
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000		
25	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0408	1.6834	0.5940		
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0954	0.4270	2.3420		
	Brust-Hyperplasie	0.0224					
	Prostata-Hyperplasie	0.0654					
	Samenblase	0.0445					
30	Sinnesorgane	0.0470					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0477					
	Zervix	0.0426					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
	Gastrointestinal	0.0305					
	Gehirn	0.1001					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
	Herz-Blutgefuesse	0.0249					
	Lunge	0.0542					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0247					
	Placenta	0.0182					
	Prostata	0.0249					
	Sinnesorgane	0.1130					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0680					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0759					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0250					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0114					
	Haut-Muskel	0.0486					
60	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0491					
	Nerven	0.0392					
	Prostata	0.0342					
	Sinnesorgane	0.3561					
65	Uterus_n	0.0624					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0204	0.9534	1.0489
	Brust	0.0128	0.0132	0.9722	1.0286
	Duenn darm	0.0245	0.0165	1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0059	0.0144	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
20	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0240	0.5711	1.7510
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0523	0.0511	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
35	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0361			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333	0.6123
	Duennndarm	0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
	Endokrines_Gewebe	0.0307	0.0176	1.7466	0.5725
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0155	0.0185	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0177	0.0245	0.7197	1.3894
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0269	0.1066	0.2527	3.9571
	Prostata	0.0174	0.0128	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0340	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0417			
	Gastrointestinal	0.0389			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0498			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
60	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.2262	0.2019	1.1199	0.8929
	Brust	0.2315	0.2876	0.8051	1.2421
	Duenn darm	0.2483	0.0992	2.5025	0.3996
	Eierstock	0.4463	0.1743	2.5603	0.3906
	Endokrines_Gewebe	0.1448	0.1304	1.1103	0.9007
10	Gastrointestinal	0.1456	0.2637	0.5522	1.8109
	Gehirn	0.1183	0.2495	0.4740	2.1095
	Haematopoetisch	0.2901	0.1515	1.9144	0.5224
	Haut	0.1909	0.9322	0.2048	4.8831
	Hepatisch	0.0856	0.3753	0.2282	4.3822
15	Herz	0.1971	0.2199	0.8963	1.1157
	Hoden	0.0978	0.2923	0.3345	2.9892
	Lunge	0.2223	0.2249	0.9884	1.0118
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.2147	0.8554	1.1691
	Muskel-Skelett	0.1542	0.4139	0.3725	2.6849
20	Niere	0.1249	0.2944	0.4242	2.3575
	Pankreas	0.2131	0.1767	1.2059	0.8292
	Penis	0.1916	0.1866	1.0269	0.9738
	Prostata	0.3226	0.2747	1.1744	0.8515
	Uterus_Endometrium	0.1892	0.4222	0.4481	2.2316
25	Uterus_Myometrium	0.4040	0.3532	1.1438	0.8742
	Uterus_allgemein	0.3718	0.1908	1.9482	0.5133
	Brust-Hyperplasie	0.2494			
	Prostata-Hyperplasie	0.2557			
	Samenblase	0.3382			
30	Sinnesorgane	0.1529			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.2064			
	Zervix	0.2449			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.2783			
	Gastrointestinal	0.4137			
	Gehirn	0.4004			
40	Haematopoetisch	0.2045			
	Haut	0.5025			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.4091			
	Lunge	0.2962			
45	Nebenniere	0.2535			
	Niere	0.3212			
	Placenta	0.1757			
	Prostata	0.2244			
	Sinnesorgane	0.0502			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1429			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.2177			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0530			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0737			
	Nerven	0.0311			
65	Prostata	0.0752			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust	0.0294	0.0169	1.7391	0.5750
	Duenn darm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0240	0.0078	3.0700	0.3257
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0370	0.5177	1.9316
	Gehirn	0.0333	0.0205	1.6199	0.6173
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0249	0.0102	2.4386	0.4101
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0389	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0414	0.0362	1.1441	0.8741
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0654			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0628			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0382			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0307	0.6356	1.5733
	Brust	0.0115	0.0056	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0226	0.1509	6.6250
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0288	0.0133	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
20	Lunge	0.0073	0.0061	1.1854	0.8436
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0528	0.5121	1.9526
30	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0375			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0419	0.0130	3.2235	0.3102
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660	1.7667
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0089	0.0103	0.8640	1.1575
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0254	0.0412	0.6168	1.6213
	Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0383	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283	2.3347
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0116	0.0221	0.5235	1.9102
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.0167			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0036			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1443	0.2019	0.7144	1.3997
	Brust	0.1906	0.1842	1.0347	0.9665
	Duennndarm	0.2054	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.4073	0.1639	2.4853	0.4024
10	Endokrines Gewebe	0.1329	0.1304	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.1839	0.2775	0.6627	1.5090
	Gehirn	0.0821	0.2434	0.3372	2.9656
	Haematopoetisch	0.2219	0.0379	5.8579	0.1707
15	Haut	0.1836	0.2542	0.7220	1.3850
	Hepatisch	0.0476	0.2911	0.1634	6.1200
	Herz	0.1802	0.1375	1.3107	0.7630
	Hoden	0.1266	0.2222	0.5697	1.7554
20	Lunge	0.1174	0.2229	0.5267	1.8987
	Magen-Speiserohre	0.1546	0.2223	0.6955	1.4379
	Muskel-Skelett	0.1165	0.0780	1.4936	0.6695
	Niere	0.0706	0.2191	0.3222	3.1039
25	Pankreas	0.1421	0.2154	0.6597	1.5159
	Penis	0.1976	0.0800	2.4709	0.4047
	Prostata	0.1962	0.1725	1.1374	0.8792
	Uterus_Endometrium	0.2162	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.2515	0.2241	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.2445	0.0954	2.5620	0.3903
	Brust-Hyperplasie	0.2238			
	Prostata-Hyperplasie	0.2943			
35	Samenblase	0.4183			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1179			
	Zervix	0.1810			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.3193			
45	Gehirn	0.3378			
	Haematopoetisch	0.2006			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.1565			
	Lunge	0.2962			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.2286			
55	Placenta	0.0606			
	Prostata	0.1995			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.1013			
65	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
	Gastrointestinal	0.0610			
	Haematopoetisch	0.2278			
	Haut-Muskel	0.0713			
	Hoden	0.0463			
	Lunge	0.0655			
	Nerven	0.0291			
	Prostata	0.1094			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0895	0.7845	1.2747
	Brust	0.0333	0.0094	3.5387	0.2826
	Duenn darm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0052	4.6050	0.2172
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0847	0.2599	3.8473
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0297	0.0137	2.1587	0.4632
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0187	0.0041	4.5723	0.2187
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0300	0.5140	1.9456
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0436	0.0170	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0878	0.0528	1.6644	0.6008
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0340	0.8978	1.1138
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1278			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0861			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.2484			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0524			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0273	0.0256	1.0678	0.9365
	Brust 0.0269	0.0338	0.7939	1.2595
	Duendarm 0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock 0.0749	0.0338	2.2140	0.4517
	Endokrines_Gewebe 0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0244	0.0298	0.8193	1.2206
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
15	Herz 0.0148	0.0550	0.2698	3.7059
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0166	0.0225	0.7390	1.3533
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.1285	0.0300	4.2833	0.2335
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata 0.0022	0.0149	0.1462	6.8384
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0083			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0108			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0247			
	Placenta 0.0606			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50				
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0612			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0253			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	_Foetal 0.0291			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0162			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0120			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
	Brust	0.0179	0.0094	1.9055	0.5248
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0329	0.0104	3.1660	0.3159
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0205	0.8280	1.2078
	Haematopoetisch	0.0107	0.0758	0.1412	7.0845
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350	1.5747
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0181			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0619			
65	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0376	1.1569	0.8644
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.1587	0.0182	8.7167	0.1147
10	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0050	5.7736	0.1732
	Gastrointestinal	0.0249	0.0231	1.0768	0.9286
	Gehirn	0.0237	0.1551	0.1526	6.5542
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
	Herz	0.0276	0.2749	0.1002	9.9774
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
20	Lunge	0.0239	0.0184	1.2983	0.7702
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0180	1.8085	0.5529
	Niere	0.0706	0.0068	10.309	0.0970
25	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.1228	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0392	0.0277	1.4173	0.7056
	Uterus_Endometrium	0.1081	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.1296	0.1223	1.0599	0.9435
	Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.1384			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0389			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0506			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
55	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0051			
65	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0157			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0191			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0192	0.0357	0.5373	1.8613
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0270	0.0078	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0251	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0468	0.3690	2.7102
20	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0060	2.8555	0.3502
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
25	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0262	0.0213	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0408	0.1870	5.3463
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
65	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0713			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0818	1.1918	0.8391
	Brust	0.0640	0.0470	1.3611	0.7347
	Duenn darm	0.0460	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0958	0.0130	7.3680	0.1357
10	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
	Gastrointestinal	0.0249	0.0185	1.3461	0.7429
	Gehirn	0.0185	0.0370	0.5000	2.0001
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0571	0.0194	2.9412	0.3400
	Herz	0.0392	0.1649	0.2377	4.2067
	Hoden	0.0690	0.0117	5.9037	0.1694
20	Lunge	0.0301	0.0286	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0480	1.2850	0.7782
	Niere	0.0299	0.0274	1.0904	0.9171
25	Pankreas	0.0066	0.0939	0.0704	14.2070
	Penis	0.0659	0.0267	2.4709	0.4047
	Prostata	0.0349	0.0234	1.4889	0.6716
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100	0.9901
	Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
35	Samenblase	0.0801			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0639			
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0639			
45	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
55	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0502			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1020			
	Eierstock_n	0.1595			
65	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0239			
	Gastrointestinal	0.0366			
70	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
75	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.5264		0.1534		3.4322	0.2914
	Brust	0.0026		0.0019		1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.2575		0.0496		5.1903	0.1927
	Eierstock	0.0449		0.0052		8.6344	0.1158
	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0025		0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.2395		0.0416		5.7524	0.1738
	Gehirn	0.0022		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428		0.0776		0.5515	1.8133
15	Herz	0.2353		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0403		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0519		0.0041		12.7009	0.0787
	Magen-Speiserohre	0.4252		0.2070		2.0542	0.4868
	Muskel-Skelett	0.2090		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0050		0.0828		0.0598	16.7142
	Penis	0.4042		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.2659		0.1767		1.5046	0.6646
	Uterus_Endometrium	0.1959		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.3659		0.1834		1.9951	0.5012
	Uterus_allgemein	0.3056		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.1784					
	Samenblase	0.3204					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.1384					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.1194					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0818					
	Lunge	0.0072					
45	Nebenniere	0.0761					
	Niere	0.0185					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0204					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0134					
	Gastrointestinal	0.1587					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0274					
	Sinnesorgane	0.0000					
65	Uterus_n	0.0666					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0858	0.0358	2.3971	0.4172
	Brust	0.0409	0.0432	0.9468	1.0562
	Duennndarm	0.0705	0.0165	4.2635	0.2345
	Eierstock	0.0569	0.0208	2.7342	0.3657
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0376	0.7245	1.3802
10	Gastrointestinal	0.0632	0.0093	6.8338	0.1463
	Gehirn	0.0806	0.1017	0.7927	1.2615
	Haematopoetisch	0.0374	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0367	0.0847	0.4332	2.3084
	Hepatisch	0.0285	0.0323	0.8824	1.1333
15	Herz	0.0201	0.0687	0.2930	3.4133
	Hoden	0.1381	0.0234	5.9037	0.1694
	Lunge	0.0488	0.0266	1.8367	0.5444
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0617	0.0540	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0326	0.0274	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
	Penis	0.0539	0.0800	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0785	0.0383	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0565			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0260			
	Zervix	0.0745			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0680			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1671			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0241			
	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0125	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0702	0.0307	2.2882	0.4370
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenn darm	0.0491	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0052	6.9075	0.1448
10	Endokrines Gewebe	0.0255	0.0176	1.4555	0.6870
	Gastrointestinal	0.0402	0.0185	2.1744	0.4599
	Gehirn	0.0207	0.0277	0.7466	1.3394
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0453	0.3151	3.1733
	Herz	0.0403	0.0412	0.9766	1.0240
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
20	Lunge	0.0322	0.0204	1.5749	0.6350
	Magen-Speiserohre	0.0966	0.0383	2.5211	0.3967
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
25	Pankreas	0.0330	0.0110	2.9915	0.3343
	Penis	0.2036	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0567	0.0341	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.1067	0.0543	1.9640	0.5092
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
35	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0194			
45	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0361			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0285			
70	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0020			
75	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639		
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694		
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000		
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990		
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485	4.0241		
	Gehirn	0.0096	0.0133	0.7200	1.3890		
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef		
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977		
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163		
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905		
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967		
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000		
20	Niere	0.0271	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000		
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654		
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000		
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821		
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.0032	-				
	Prostata-Hyperplasie	0.0178					
	Samenblase	0.0178					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0185					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0087					
	Gastrointestinal	0.0122					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0130					
60	Hoden	0.0077					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0141					
	Prostata	0.0274					
	Sinnesorgane	0.0077					
65	Uterus_n	0.0167					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0383	0.4068	2.4583
	Brust	0.0563	0.0226	2.4953	0.4008
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0389	0.0026	14.9663	0.0668
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0093	2.2779	0.4390
	Gehirn	0.0170	0.0236	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0197	0.0102	1.9305	0.5180
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0099	0.0221	0.4487	2.2286
	Penis	0.0629	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0501	0.0192	2.6159	0.3823
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0409	0.5720	1.7481
	Brust	0.0141	0.0282	0.4991	2.0038
	Duennndarm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0479	0.0104	4.6050	0.2172
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0164	0.7650	1.3073
	Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0095	0.0137	0.6939	1.4412
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0061	1.6934	0.5905
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0136	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0289			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1316			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0488			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0204	0.7627	1.3111
	Brust	0.0166	0.0244	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0307	0.0165	1.8537	0.5395
	Eierstock	0.0389	0.0078	4.9888	0.2004
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
20	Lunge	0.0218	0.0184	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0383	1.0084	0.9916
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6663	1.5009
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
30	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0470			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0243			
	Zervix	0.0213			
40	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0253			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
60	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1013			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0166	0.0056	2.9490	0.3391
	Duennndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0240	0.0026	9.2101	0.1086
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0611	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
65	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0975	0.0409	2.3835	0.4196
	Brust	0.0217	0.0038	5.7845	0.1729
	Duenndarm	0.0521	0.0496	1.0504	0.9520
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0041	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0383	3.0253	0.3305
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0928	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0170	1.6634	0.6012
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0408	0.9352	1.0693
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0204	0.5720	1.7481
	Brust	0.0102	0.0169	0.6049	1.6531
	Duendarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0201	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0118	0.0133	0.8861	1.1285
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0204	2.6186	0.3819
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0026	5.7563	0.1737
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0274	0.0144	1.9027	0.5256
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	0.0000		
35	Samenblase	0.0000	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	0.0000		
	Zervix	0.0000	0.0000		
40	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
45	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
50	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
55	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
65	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
70	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
75	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.3081	0.1048	2.9393	0.3402
	Brust	0.0691	0.0432	1.5978	0.6259
	Duenndarm	0.0889	0.0165	5.3757	0.1860
	Eierstock	0.0809	0.0286	2.8258	0.3539
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.1552	0.0231	6.7095	0.1490
	Gehirn	0.0503	0.0257	1.9583	0.5106
	Haematopoetisch	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0847	0.3032	3.2977
	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
15	Herz	0.0477	0.0275	1.7347	0.5765
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0280	0.0184	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1303	1.6313	0.6130
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
20	Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857
	Penis	0.2395	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.2288	0.1277	1.7913	0.5582
	Uterus_Endometrium	0.2230	0.1583	1.4084	0.7101
25	Uterus_Myometrium	0.3354	0.2989	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.2852	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0512			
	Prostata-Hyperplasie	0.1397			
	Samenblase	0.6943			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1704			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0417			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0304			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0281			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0833			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0052	5.1807	0.1930
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0201	0.7642	1.3086
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0111	0.0133	0.8307	1.2038
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0166	0.0061	2.7095	0.3691
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0173			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0155			
65	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0383	0.2034	4.9166
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duendarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0479	0.0156	3.0700	0.3257
	Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0276	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0185	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0569	0.0503	1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0241	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0847	0.3899	2.5649
	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
15	Herz	0.0329	0.0137	2.3900	0.4184
	Hoden	0.0288	0.0585	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0177	0.0266	0.6644	1.5052
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0300	0.4569	2.1888
20	Niere	0.0326	0.0205	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0050	0.0276	0.1795	5.5714
	Penis	0.0479	0.1066	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0414	0.0255	1.6207	0.6170
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0272	1.4028	0.7128
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0224	-		
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0389			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.1156			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0759			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0262			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0331			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0697			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 218

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0123	0.0056	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0213	0.0000	undef
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0035	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0093	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0068	0.0074	0.9209	1.0859
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0037	1.3917	0.7186
20	Niere	0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Prostata	0.0009	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Uterus	0.0030	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0080			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
35	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 219

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0599	0.0272	2.2075	0.4530
	Blase	0.1677	0.0376	4.4599	0.2242
	Brust	0.1602	0.0520	3.0803	0.3246
	Dickdarm	0.1686	0.0513	3.2892	0.3040
	Duenn darm	0.0741	0.0746	0.9938	1.0062
10	Eierstock	0.1098	0.0906	1.2116	0.8254
	Endokrines_Gewebe	0.1381	0.0851	1.6221	0.6165
	Gehirn	0.0544	0.0568	0.9569	1.0450
	Haut	0.1505	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0381	0.3662	2.7306
15	Herz	0.0639	0.0825	0.7753	1.2898
	Hoden	0.0642	0.0296	2.1714	0.4605
	Lunge	0.1381	0.0425	3.2488	0.3078
	Magen-Speiserohre	0.0652	0.0320	2.0404	0.4901
	Muskel-Skelett	0.1114	0.0554	2.0102	0.4975
20	Niere	0.0985	0.1157	0.8511	1.1749
	Pankreas	0.0496	0.0718	0.6904	1.4485
	Prostata	0.0509	0.0287	1.7759	0.5631
	T_Lymphom	0.0833	0.0224	3.7193	0.2689
	Uterus	0.1478	0.1058	1.3969	0.7159
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.1848	0.0911	2.0289	0.4929
	Haematopoetisch	0.0909			
	Penis	0.1448			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0353			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
35	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0747			
40	Lunge	0.1734			
	Nebenniere	0.1268			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0377			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0405			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0544			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0167			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0698			
	Prostata_n	0.0424			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 220

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0047	2.4892	0.4017
	Brust	0.0167	0.0056	2.9745	0.3362
	Dickdarm	0.0096	0.0028	3.3639	0.2973
	Duenn darm	0.0027	0.0107	0.2577	3.8812
10	Eierstock	0.0208	0.0024	8.7103	0.1148
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0089	0.9054	1.1045
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.5803	1.7234
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0101	0.0137	0.7384	1.3543
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0078	0.0074	1.0524	0.9502
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0064	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0185	0.6494	1.5398
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7137
	Prostata	0.0019	0.0039	0.4823	2.0732
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0161			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 221

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0429	0.0141	3.0424	0.3287
	Brust	0.0387	0.0084	4.5922	0.2178
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenn darm	0.0165	0.0107	1.5459	0.6469
10	Eierstock	0.0237	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0177	0.0018	9.9589	0.1004
	Gehirn	0.0041	0.0100	0.4062	2.4620
	Haut	0.0514	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0457	0.0137	3.3227	0.3010
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0467	0.0296	1.5786	0.6335
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0222	0.7731	1.2934
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0075	0.0052	1.4470	0.6911
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0281	0.0138	2.0348	0.4915
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0141			
	Sinnesorgane	0.0353			
30	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0418			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0476			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0220			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0405			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern blot Seq-ID: 222

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Blase	0.0078	0.0164	0.0164	0.4741	2.1091	
	Brust	0.0009	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Dickdarm	0.0057	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Duennndarm	0.0055	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
10	Eierstock	0.0237	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0035	0.0035	1.8107	0.5523	
	Gehirn	0.0029	0.0050	0.0050	0.5803	1.7234	
	Haut	0.0073	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
15	Herz	0.0030	0.0137	0.0137	0.2215	4.5144	
	Hoden	0.0040	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	Lunge	0.0126	0.0018	0.0018	6.8408	0.1462	
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0256	0.0256	0.0000	undef	
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0048	0.0000	undef	
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0331	0.0997	10.0282	
	Prostata	0.0038	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Uterus	0.0074	0.0000	0.0000	undef	0.0000	
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Haematopoetisch	0.0027					
	Penis	0.0161					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
40	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0204					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0051					
55	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0012					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0032					
60	Hoden_n	0.0209					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0000					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0225					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 223

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0250	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0546	0.0188	2.9041	0.3443
	Brust	0.0387	0.0056	6.8883	0.1452
	Dickdarm	0.0287	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0302	0.0107	2.8342	0.3528
10	Eierstock	0.0237	0.0024	9.9547	0.1005
	Endokrines_Gewebe	0.0112	0.0106	1.0563	0.9467
	Gehirn	0.0093	0.0060	1.5474	0.6463
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0063	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0175	0.0092	1.8944	0.5279
	Magen-Speiserohre	0.0145	0.0064	2.2671	0.4411
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0074	2.5514	0.3919
20	Niere	0.0134	0.0048	2.7855	0.3590
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0254	0.0221	1.1491	0.8702
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0414	0.0184	2.2490	0.4446
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0160			
	Penis	0.0724			
	Samenblase	0.0352			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0197			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
40	Herz-Blutgefasse	0.0036			
	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0000			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0952			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0127			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0203			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 224

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0079	0.0084	0.9393	1.0646
	Dickdarm	0.0134	0.0057	2.3547	0.4247
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0167	1.4221	0.7032
	Endokrines_Gewebe	0.0096	0.0071	1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0162	0.0598	0.2708	3.6929
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0571	0.0000	undef
15	Herz	0.0152	0.0275	0.5538	1.8057
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0282	0.0185	1.5260	0.6553
	Magen-Speiserohre	0.0435	0.0128	3.4006	0.2941
	Muskel-Skelett	0.0171	0.0074	2.3194	0.4311
20	Niere	0.0134	0.0145	0.9285	1.0770
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3961	0.7163
	Prostata	0.0207	0.0065	3.1835	0.3141
	T_Lymphom	0.0354	0.0075	4.7336	0.2113
	Uterus	0.0103	0.0092	1.1245	0.8893
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0281			
	Penis	0.0027			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0242			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0084			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0050			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0158			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.2942			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 225

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0039	0.0047	0.8297	1.2052
	Brust	0.0062	0.0028	2.1917	0.4563
	Dickdarm	0.0038	0.0085	0.4485	2.2295
	Duennndarm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0148	0.0024	6.2217	0.1607
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0124	0.5173	1.9329
	Gehirn	0.0006	0.0040	0.1451	6.8935
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0010	0.0275	0.0369	27.0862
	Hoden	0.0040	0.0059	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0078	0.0037	2.1049	0.4751
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0037	0.9278	1.0778
20	Niere	0.0067	0.0048	1.3927	0.7180
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0047	0.0039	1.2059	0.8293
	T_Lymphom	0.0051	0.0075	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0074	0.0046	1.6064	0.6225
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0232			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0080			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 226

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0100	0.0679	0.1472	6.7951
	Blase	0.0546	0.0540	1.0101	0.9900
	Brust	0.0053	0.0028	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0460	0.0256	1.7941	0.5574
	Duennndarm	0.0631	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0326	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0195	0.0000	undef
	Gehirn	0.0069	0.0080	0.8704	1.1489
	Haut	0.0404	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465	0.1396	0.3329	3.0036
15	Herz	0.0183	0.5773	0.0316	31.6005
	Hoden	0.0402	0.0118	3.3928	0.2947
	Lunge	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0128	0.5668	1.7644
	Muskel-Skelett	0.2227	0.0037	60.3053	0.0166
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3710
	Prostata	0.0716	0.1016	0.7050	1.4185
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0133			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0045			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 227

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0375	0.0272	1.3797	0.7248
	Blase	0.0117	0.0141	0.8297	1.2052
	Brust	0.0264	0.0169	1.5655	0.6388
	Dickdarm	0.0268	0.0085	3.1397	0.3185
	Duenn darm	0.0192	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0386	0.0072	5.3921	0.1855
	Endokrines_Gewebe	0.0144	0.0408	0.3543	2.8227
	Gehirn	0.0179	0.0289	0.6203	1.6122
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0081	0.0137	0.5907	1.6929
	Hoden	0.0241	0.0059	4.0713	0.2456
	Lunge	0.0895	0.0277	3.2274	0.3098
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0320	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0325	0.0074	4.4069	0.2269
20	Niere	0.0179	0.0241	0.7428	1.3463
	Pankreas	0.0116	0.0442	0.2618	3.8203
	Prostata	0.0160	0.0117	1.3666	0.7317
	T_Lymphom	0.0253	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0133	0.0046	2.8915	0.3458
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0561	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0241			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0235			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0315			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.3878			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1317			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0388			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0090			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0788			
	Prostata_n	0.0121			
	Sinnesorgane	0.0619			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 228

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0164	0.0000	undef
	Brust	0.0405	0.0126	3.2006	0.3124
	Dickdarm	0.0134	0.0114	1.1774	0.8493
	Duennndarm	0.0137	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0237	0.0072	3.3182	0.3014
	Endokrines_Gewebe	0.0257	0.0408	0.6298	1.5878
	Gehirn	0.0307	0.0199	1.5377	0.6503
	Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0063	2.1973	0.4551
15	Herz	0.0244	0.0550	0.4430	2.2572
	Hoden	0.0161	0.0059	2.7142	0.3684
	Lunge	0.0302	0.0222	1.3594	0.7356
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0192	1.8892	0.5293
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0148	0.8118	1.2318
20	Niere	0.0112	0.0145	0.7737	1.2924
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2535
	Prostata	0.0113	0.0156	0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0051	0.0149	0.3381	2.9576
	Uterus	0.0133	0.0046	2.8915	0.3458
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053			
	Penis	0.0295			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0194			
35	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
40	Lunge	0.0397			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0136			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0266			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0648			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0293			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0211			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0248			
	Prostata_n	0.0182			
	Sinnesorgane	0.1394			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 229

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0225	0.0136	1.6556	0.6040
	Blase	0.1053	0.0775	1.3578	0.7365
	Brust	0.0590	0.0464	1.2714	0.7865
	Dickdarm	0.0249	0.0114	2.1866	0.4573
	Duennndarm	0.0494	0.0213	2.3189	0.4312
10	Eierstock	0.1009	0.0143	7.0512	0.1418
	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0213	1.2826	0.7797
	Gehirn	0.0162	0.0369	0.4391	2.2773
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0604	0.0190	3.1739	0.3151
15	Herz	0.0386	0.1649	0.2338	4.2768
	Hoden	0.0843	0.0118	7.1248	0.1404
	Lunge	0.0311	0.0277	1.1226	0.8908
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0320	0.9068	1.1027
	Muskel-Skelett	0.0651	0.0295	2.2035	0.4538
20	Niere	0.0246	0.0193	1.2767	0.7833
	Pankreas	0.0099	0.0939	0.1056	9.4711
	Prostata	0.0254	0.0169	1.5027	0.6655
	T_Lymphom	0.0101	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0709	0.0690	1.0281	0.9727
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0201	-		
	Penis	0.0644			
	Samenblase	0.0915			
	Sinnesorgane	0.0353			
30		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0639			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
40	Lunge	0.0434			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0667			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0628			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.1088			
50	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
55	Foetal	0.0249			
	Gastrointestinal	0.0366			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden_n	0.0084			
60	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0030			
	Niere_t	0.0000			
65	Ovar_Uterus	0.0270			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 25 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
- 30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarnormalgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview"-Programms der Genome Database (GDB), (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
34	557/M/18	505/J/22	265/C/21	283/A/10	437/O/12
22	284/K/14	489/D/6			
91	223/L/22	282/D/7	450/I/23	471/O/19	511/N/18
64	412/O/1				
47	235/P/14	387/M/10			

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
1	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		4q13.3-q21.1	SHGC-8598; D4S2947-D4S400	2674
2	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt				1500
3	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu SPC18	signal_pept_1	8q11.23	SHGC-35901	1536
4	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	E25		Xq21.1-21.2	Chr. Xq21.1-21.2	2164
5	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	GUANYLATE_CYCLASES_2	2p23.1-p23.2	SHGC-13407; D2S171-D2S174	2256
6	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	Adap_comp_sub	19p13.2	sISG4364; D19S226-D19S930	1093
7	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p32.3-p34.3	SHGC-10178; D1S193-D1S231;; sISG4376	2191
8	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	9q34.2	WI-15356; D9S158-D9S1838	734
9	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		7p12.3-p13	IB1312; D7S691-D7S478;; WI-9635; D7S478-D7S519	2802
10	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt				1011

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
11	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem bilhoraxoid-like protein aus R.norvegicus		11q13.2-q14.1	WI-16987; D11S913- D11S916	740
12	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu dem MACROPHAGE CAPING PROTEIN	GELS	9q33.1-q34.11	SHGC-10707; D9S282- D9S1798	1159
13	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Decorin		12q21.31-q22	WI-17110; D12S322- D12S346	2099
14	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	VDUP1		1q12-q21.2	TIGR-A002032; D1S442- D1S305	596
16	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		17p13.1-p13.2	D17S796-D17S960	1705
18	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu enoyl-CoA Hydratase	ECH	1p32.3-p34.2	SHGC-10197; D1S231- D1S2661	2396
19	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt			SHGC-14866	869
20	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu MAGE		Xp11.22	SHGC-35118 (SHGC- 32184-SHGC-3741)	1462
21	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	ESTERASE	3p21.1-p22.1	SGC33900; D3S3564- D3S1588	1676
22	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		1p36.11-p36.13	SHGC-33541	602
23	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p13.3-p15	SHGC-9986+ TIGR- A005N18; D2S337-D2S147	357

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
24	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		19q13.2-q13.33	WI-11704; D19S219-D19S418	656
25	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		16p11.2-q12.1	SHGC-11302; D16S3093-D16S409	745
26	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		3p21.1-p21.2	WI-3521	843
27	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Caveolin			AFM242yc3	1217
28	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2p23.1-p23.2	AFMa309xd1	977
29	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		11p12	GATA6C04 (SHGC-11703-SHGC-3286)	556
31	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		10p14	SHGC-11848 (EST00816-SHGC-3933)	2169
33	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		9p13.3-p23	TIGR-A006H29; D3S1569-D3S1550 ; WI-12091; D20S891-D20S109 RH:SHGC-17779/ GATA50C05	595
34	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	MGP		12p12.3	SHGC-11783 (D12S2116-D12S1894)	1089
35	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q33.1-q35	SHGC-10373; D2S155-D2S2382	2510
36	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17p24.3-q25.3	TIGR-A002D24; D17S840-D17S785	2058

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
37	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q22.1-q22.3	SGC30984; D2S381- D2S356;; SHGC-30984; D2S155-D2S2382;; TIGR- A004T42; D2S356-D2S321 D9S178-D9S286	2073
38	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		9p23-p24.1		269
40	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	10q21.3-q22.2	SGC31334; D10S537- D10S218	1491
41	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	16p12.1-p13.11	SHGC-328; D16S410- D16S3045;; WI-2753; D16S499-D16S410	1790
42	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		Xq21.2-q24	Cosmid V857G6, DXS366- DXS87 on Chr. X	512
43	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FEL		4q13.3-q22.1	WI-8446; D4S395-D4S414	1678
45	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	m6A Methyltransferase		14q11.1-q11.2	slSG9836; D14S283- D14S275	1670
47	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu C10		12p12.3-p13.31	RH:SHGC-31976; D12S328-D12S1695	881
49	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu ETR 101	NLS_BP	19p13.2	AA258008; D19S221- D19S226	2076
50	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu 40S RIBOSOMAL PROTEIN S15	S19	3p21.31-p21.1	AFM274yd5 (D3S1588- D3S3672)	548
52	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	UBA; UX_DOMAIN	11q13.1	NIB715	1177

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
53	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu PHOSPHOLIPASE A2	phoslip	1p34-p36.1		1116
55	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	CYTOCHROME P450 XIA1	p450	15q23-q24.1	SHGC-10349; D15S197- D15S114 ;WI-8987; D15S215-D15S114	1556
56	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FK-506	FKBP; FKBP_PPIASE_3; TPR_REGION	19p13.12-p11	sis-L37033; D19S407- D19S222	1581
58	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Vimentin	COILS	10p13		1121
59	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		6p21.1-p22.1	SHGC-31506	620
60	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	DRAL	LIM	2q11.2-q12.1	SHGC-11255; D2S373- D2S176	1585
61	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	H19	NLS_BP	11p15.5		947
62	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu SPECTRIN	SPEC_REPEAT: PH_DOMAIN	2p16.1-p16.3	SHGC-11220+siSG447; D2S123-D2S378	2559
63	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Cyclin I	Cyclin; PRO_RICH	4q12-q13.3	WI-11792; D4S392- D4S2958	1493
64	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	1p36.13-p36.11	AFM296zc9	1135
65	Im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Nucleosome Assembly Protein 1-Like Protein	NAP_family	12p12.1-p11.1	AFMb041xb9 (D12S1821- D12S1856)	1271

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
66	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Laminin Rezeptor Homolog	Ribosomal_L10e	19p13.2	AFM224ye9	887
67	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu TSC-22	TCS22	13q14.11-q21.1	WI-13180; D13S263- D13S155	1487
68	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	DYNACTIN	CAP_GLY_2; COILS; PRO_RICH	2p11.2-p13.1	SHGC-4184; D2S145- D2S286	3534
69	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu NAP			SHGC-11561; D6S1558- D6S1616 bzw. D17S791- D17S794	369
70	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu RIBOSOMAL PROTEIN L13	Ribosomal_L13e	16q23.3-q24.3	SHGC-2489; D16S422- qTEL	915
71	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	FIBULIN-1	ANAPHYLATOXIN_2; EGF_CA_2	22q13	SHGC-11380; D22S272- D22S274	2150
72	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	serin protease with IGF- binding motif	Kazal; PDZ	10q25.3-q26.3	IB2169; D10S531- D10S209	1705
74	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	ADDUCIN	Aldolase_II	4p16.3-pter	SHGC-8050; D4S_pter- D4S1614	1565
76	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	IGFBP-5	IGFBP; Thyroglobulin_1; PRO_RICH;	2q34-q35	SHGC-12443; D2S2382- D2S164	4750
77	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	APEX nuclease	AP_endonuclease1	2p24.3	WI-9010	1505
78	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu IGFBP-4	IGFBP; thyroglobulin_1; PRO_RICH	17q11.2-q21.31	CHLC.UTR_02433_M6240 3; D17S800-D17S930	2008

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
80	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Mutant desmin	COILS	2q35	AA180778; D2S164- D2S163	2156
81	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu Cystatin C	Cystatin	20p11.21	SHGC-11944; D20S184- D20S106	906
82	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Midline	NLS_BP; PTN_MK		D11S1361-D11S1357	595
83	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu DESTRIN	cofilin_ADF	20p11.21-p12.1	SHGC-12880; D20S118- D20S184	1566
84	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu NifU-like		12q23.2-q23.3	SHGC-13873; D12S1342- D12S84	1047
85	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		10q23.1	sISG12697; D10S1786- D10S541	519
86	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	EPHRIIN TYPE-B Receptor	fn3; pkinase; SAM_DOMAIN	7q22.1-q22.2	SHGC-13581; D7S651- D7S477	2170
87	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Transcription Intermediary Factor 1- Beta	ZF_BBOX; PHD; NLS_BP	5p13.1-p15.1	WI-9513; D5S477-D5S651;; Cda0zf05; D5S455-D5S660	2264
89	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Translation Initiation factor 3	MPN_DOMAIN	2p15-q11.2	AFMc025xe1; (SGC35444- SGC33819)	1270
90	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	matrilin-2	vwa; EGF	8q21.3-q22.2	WI-12837; D8S270-D8S257	2863
92	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		15q26.2-q26.3	WI-15574; D15S120- D15S_qter	3287

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
94	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Prp8		17p13.3	sts-W58284; D17S849- D17S1828	2786
95	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	EAR-7-2	zf-C4; hormone_rec	3p23-p25.2	sISG38903; D3S3591- D3S1283	2125
96	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Homolog zu CRP1	LIM_DOMAIN_2	1q32.1	SGC30236; D1S477- D1S504;;SHGC-9800; near D1S306	1910
97	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	unbekannt		2q37.3	SGC31815; D2S331- D2S336;; TIGR-A004F17; D2S172-D2S206	1615
98	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	RAB-5C	PRO_RICH, ras	17q11.2-q21.31	SHGC-318; D17S800- D17S930;; WI-9338; D17S800-D17S791	1669
100	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	AP50	PRO_RICH; NLS_BP; Adap_comp_sub	3q27.1-q27.2	WI-7927; D3S1571- D3S3578	2042
218	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 5				2534
219	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 14				2704
220	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 24				740
221	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 27				1876
222	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 29				878

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cylogenetische Lokalisation	Nearest Marker	Länge der angemeldeten Sequenz
223	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 35				2720
224	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 40				1845
225	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 43				9390
226	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 53				1268
227	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 59				1417
228	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 62				2677
229	im Ovar Normalgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 78				2242

TABELLE II

Seq ID No	ORF Seq ID No		
1	104		
2	105		
3	106		
4	107		
5	108		
6	109	110	111
7	112	113	114
8	115	116	117
9	118	119	120
10	121	122	
11	123	124	125
12	126	127	
13	128	129	130
14	131	132	
16	136	137	
18	140	141	142
19	143	144	145
20	146	147	148
21	149	150	151
22	152	153	154
23	155	156	
24	157	158	159
25	160	161	
26	162	163	164
27	165	166	
28	167	168	169
29	170	171	
31	174	175	176
33	179	180	181
34	182	183	184
35	185	186	187
36	188	189	190
37	191	192	193
38	194	196	195
40	200	201	202
41	203	204	205
42	206	207	208
43	209	210	211
45	215	216	217
218	230	231	
219	232	233	
220	234	235	
221	236	237	
222	238	239	
223	240	241	
224	242	243	
225	244	245	
226	246	247	
227	248	249	
228	250	251	
229	252	253	

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**5 **(i) ANMELDER:**

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovarnormalgewebe**(iii) Anzahl der Sequenzen:** 217

20

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

25

(D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

30

(A) LÄNGE: 2674 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN**(vi) HERKUNFT:**

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50

cttgaacttc taggatacag aaaagaagat ctaggaaaga agattgcttt ggccttgaac 60

```

aaagtgggat ggagccaatg tggctcttaa agactctgac caagtagcac agagtgatgg 120
ggaggagagc cctgctgctg aagagcagct cttgggagag cacattaaag aggaaaaaga 180
agaatctgaa tttctaccct catctggagg aacatttaat atctctgtca gtggggacat 240
tgatggttta attactcagg ctttgctgac gggcaatttt gagagtgtctg ttgacctttg 300
5 tttacatgat aaccgcatgg ccgatgccat tatattggcc atagcagggtg gacaagaact 360
cttggctcga acccagaaaa aatacttcgc aaaatcccaa agcaaaatta ccaggctcat 420
cactgcagtg gtgatgaaga actggaaaga gattgttgag tcttgtgatc ttaaaaattg 480
gagagaggct ttagctgcag tattgactta tgcaaagccg gatgaatttt cagccctttg 540
tgatcttttg ggaaccaggc ttgaaaaatga aggagatagc ctccctgcaga ctcaagcatg 600
10 tctctgctat atttgtgcag ggaatgtaga gaaattagtt gcatgttgga ctaaagctca 660
agatggaaagc caccctttgt cacttcagga tctgattgag aaagtgtgtca tcctgcgaaa 720
agctgtgcaa ctcaactcaag ccattggacac tagtactgta ggagtctctt tggctcgaaa 780
gatgagtcag tatgccaat tgttggcagc tcagggcagt attgctgcag ccttggcctt 840
tcttctgcag aacaccaacc agccaaatat catgcagctt cgtgacagac tttgtagagc 900
15 acaaggagag cctgtagcag gacatgaatc acctaaaatt ccgtacgaga aacagcagct 960
ccccaagggc aggcctggac cagttgtctg ccaccaccag atgccaagag ttcaaaactca 1020
acaatattat ccccatggag aaaatcctcc acctccgggt ttcataatgc atggaatgt 1080
taatccaaat gctgctggtc agcttccac atctccaggt catatgcaca cccaggtacc 1140
accttatcca cagccacagc cttatcaacc agcccagccg tatcccttcg gaacaggggg 1200
20 gtcagcaatg tatcgacctc agcagcctgt tgctcctcct acttcaaacg cttaccctaa 1260
caccctttac atatcttctg cttcttctta tactgggcag tctcagctgt acgcagcaca 1320
gcaccaggcc tcttcaccta cctccagccc tgctacttct tccctcctc ccccttctc 1380
tgagcatcc tccagcatg gcggaccagg agctccacca tcatcttcag cttatgact 1440
gcctcctgga acaacaggt aactgcctgc tgccagttag ctgcctgcgt cccaaagaac 1500
25 agaaaaccag tctatccaag accaggcacc tatgttgga ggtcctcaga atggttgga 1560
tgaccctcca gctttgaaca gactaccaa aaagaaga atgcctgaaa acttcagcc 1620
tctgttccc atcacatcac caatcatgaa cccgttgggt gacccccagt cacaatgt 1680
gcagcaacag cttcagctc cagtaccact gtcaagccag tcttcattcc cacagccaca 1740
tcttcaggt ggccagccct tccatggcgt acagcaacct cttggtcaaa caggcatgcc 1800
30 accatcttt tcaaagccca atattgaagg tgcccagggt gctcctattg gaaatacct 1860
ccagcatgtg cagtctttgc caacaaaaaa aattaccaag aaacctattc cagatgagca 1920
cctcattcta aagaccacat ttgaggatct tattcagcgc tgcctttctt cagcaacaga 1980
ccctcaaacc aagaggaagc tagatgatgc cagcaaacgt ttggagtctc tgtatgataa 2040
acttagggaa cagacacttt caccaacaat caccagtgtt ttacacaaca ttgcaaggag 2100
35 cattgaaact cgaaactact cagaaggatt gaccatgcat acccacatag ttagcaccag 2160
caacttcagt gagacctctg ctttcatgcc agttctcaaa gttgttctca cccaggccaa 2220
taagctgggt gtctaaaagg acagcttctc ttccactcaa tattgccatt tttccaaaga 2280
aacatgttaa aaaaaaaaaa tataagacat ggactagtcc tcattagcat gtttgcatag 2340
caaccagtca agagcattta cactatttct gctgatatac tcaccttaga actgctcaga 2400
40 accctgggtc tttatttttg ttttaattct ttgttgccag tgatgatttt cctattctgc 2460
aaatagtgra tttcctggat tacacatagt atggtttcct gaagtattct gataaatgtg 2520
tttttaaaaa cctcaatata ctttttagaa aaggagcatc tggttatgca taaagcagag 2580
ctaaaactaa atttctttca tgtcctccct acttctcag tgtcaatcag attaaagtgt 2640
gtaatcctaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agag 2674

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 1500 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

15 gccaacacca gcacccgcgc aacgcttttag ggagggcggc tcagggcgccc cggagcagggc 60
agagtgcgtg gagctgctgc tggccctggg cgagcctgcg gaggagctgt gcgaggagtt 120
cctggcgcac gcccgcggcc ggctggagaa ggagctgaga aacctggagg ccgagctggg 180
gccttcacct ccggctcccg acgtgttaga gttcaccgac catggaggca gtggcttcgt 240
gggcggcctc tggcagggtg cgccggccta ccaggagctg tttgcggccc agggcccagc 300
aggtgccgag aagctggcgg ccttcgcccc gcagctgggc agccgctatt ttgcgctggc 360
ggagcggcgg cggcgcgagg agcagggtgg tggtgacaac tactgctggg tgcggcgctc 420
20 ggaccgcttc caccggcgct tgcgggctcc cggggccctg ctggccgctg ccgggctcgc 480
agacgctgcc acggagatcg tggaaacgag gggccgcgag cgcctgggccc accacctgca 540
gggtctccgg gcggccttcc tgggctgcct gacagacgtc cgccaggcgc tggcagcacc 600
tcgctgggct gggaaggagg gccctggcct ggccgagttg ctggccaatg tggccagctc 660
catcctgagc cacattaagg cctctctggc agcagtgacac cttttcaccg ccaaagaggt 720
25 gtcttcttcc aacaagccct acttccgggg tgagtcttgc agtcagggtg tccgtgaggg 780
cctcatcgtg ggcttcgtcc actctatgtg ccagacggct cagagcttct gcgacagccc 840
tggggagaag gggggtgcca caccacctgc cctgctcctg ctgctctccc gcctctgcct 900
ggactacgag acggccacca tctcctacat cctcactctc actgatgaac agtttctggc 960
gcaggatcag ttcccagtgga cgcccgtag cagctgtgtg gcagaggcca gggaaacggc 1020
30 gcggcggtg ctgaccact acgtgaagg gcagggcctg gtcatatcac agatgctgcg 1080
caagagcgtg gagactcgcg actggctcag cactctggag ccccggaatg tgcgggcccgt 1140
catgaagcgg gtggtggagg ataccaccgc catcgacgtg cagggtggggc tcctgtacga 1200
agaggggtgt cgcaaggccc agagcagcga ctccagcaag aggactttct ccgtgtacag 1260
cagctctcgg cagcagggcc gctacgcccc cagctatacc cccagtgccc cgatggacac 1320
35 caacctcttg agcaatatcc agaagctatt ctctgaacgt attgatgtgt tcagccctgt 1380
ggagttcaac aaggtgtcgg tgctgaccgg catcatcaaa gatcagccct gaaagaacgc 1440
ttgctgggag tgtgtgcggg ctgcgaacct ttttggccct ttgcgggctt caacaagggg 1500

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1536 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

```

10  aaaacttttt tttttttttt caatgtgcaa agtctttttat ttaaaatttt agaagttaag 60
    acttacgacc acctcagtat atgccatttc taatagaagg aggtatgacg gtttcaaact 120
    cgtgcagagc tgcattttca tttacaagtc tctgtaggca ctttagaagt gaagcttggc 180
    ttcaaaatac aaacactggg ggctttggct caacctttta atataaaaaa attcactgat 240
    gtacaaaaat ttgaaagtgt gacaatgaca attatgaaat cctgtgactg aaagtcccct 300
15  cgagtgcact ctgtggtgca catgcgcccg cccacacaaa ctctggcatg gaaacataaa 360
    ctaatgcaaa ccagtgttac ccagaagcac caacacgtgt gttctccatt ccaccaatca 420
    cagaccagta tctactccaa acatccagta acgaaaacta tggcatcttc ccaggaacag 480
    caaggcaggc ttcttactca cgatgaacca gcacgaataa acccagcaaa aagagaactg 540
    catacttaaa tttaggatag tcattcatga ggatcgtcac aattccaata taaggaacaa 600
20  atccccctggc tctccccaca acatcttttt tctctagcca atgttgtcct tgtttataga 660
    ggctctcggtc atcaaccgca ttattatctc ctttgggtcaa aaacttgata tgcccatttt 720
    gcttttcatg aatcttcaag actcggtgaa ctataggaat ctctcttcct tctatcctaa 780
    aaacaacaat ttctcccact cgtatgggat cttcaactcg atttggtaga aagagaagat 840
    ctctctatg aaatgcaggc tccatgctgc cactgagcac cactacaatc ggactttcac 900
25  ttccagttat taccattaac cccttcaga tcattagtgc cgatgagaca atcattccaa 960
    aatttaggac ttgataatag actgccgctt gttcatccgc cgcacatcgt ccaaaaagtc1020
    tagagacagc atggcgggga cggcgagcag gacaccggca ggggaaaggg cgcgatgacc1080
    agcgggcgga actactggag ctcgggtcgg gctcacactg gacaggaccc cgcgatgctt1140
    gcacttccgc ttccggggcg ggagctggca cggtcgggca cgggtcccgc cccccgcgcc1200
30  ccttcgctgc ggagagctga cagagagact cacgaccttg ctagtccagt ctccaggctt1260
    ggctcgccg tgggagggtt ctcacgctct ggctctcgcc tgccaaaaac cgactggacg1320
    ccacttcccg cgctcgcccc cgcggccctt caccgaggcg gcgaccagg cttagtggg1380
    gaggctgctc tgccaattcg gaagcgggc ctctgtgccc gcccggccaa tcgcgagcaal440
    cctctccggt gtgggcgggt agaagcggtt ccgctgccg gcttgggtat ggggtgtggca1500
35  gtggatgtgt cgtctgaccg taggttctct ggtcga 1536

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2164 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

cgcaaacccc caactcaggc acttggggccc cttttggggc ccctctcgct cctcccttta 60
ggcacctccc tgggcccgcc cacggtctcc ccccagtttg ggactgcggc ataagtatcc 120
cagacctcgg cttgcagtag tgtagactg aagataaagt aagtgcgtgt tgggctaaca 180
10 ggatctcctc ttgcagctcg cagcccagga cgctgattcc agcagcgcct taccgcgcag 240
ccgaagattc actatggtga aaatcgccct caatacccct accgccgtgc aaaaggagga 300
ggcgcggaac gacgtggagg ccctcctgag ccgcacggtc agaactcaga tactgaccgg 360
caaggagctc cgagttgcca cccaggaaaa agagggctcc tctgggagat gtatgcttac 420
tctcttaggc ctttcattca tcttggcagg acttattgtt ggtggagcct gcatttacia 480
15 gtacttcatg cccaagagca ccatttaccg tggagagatg tgcttttttg attctgagga 540
tcctgcaaatt tcccttcgtg gaggagagcc taacttcctg cctgtgactg aggaggctga 600
cattcgtgag gatgacaaca ttgcaatcat tgatgtgcct gtccccagtt tcrctgatag 660
tgaccctgca gcaattattc atgactttga aaagggaatg actgcttacc tggacttggt 720
gctggggaac tgctatctga tgcccctcaa tacttctatt gttatgcctc caaaaaatct 780
20 ggtagagctc ttggcacaac tggcgagtg gagatatctg cctcaaaact atgtggttcg 840
agaagacctc gttgctgtgg aggaattcgg tgatgttagt aaccttggca tctttatcta 900
ccaactctgc aataacagaa agtccttcgg ccttcgtcgc agagacctct tgcgtgggtt 960
caacaaacgt gccattgata aatgctggaa gattagacac tcccccaacg aatttattgt 1020
tgagaccaag atctgtcaag agtaagaggc aacagataga gtgtccttgg taataagaag 1080
25 tcagagattt acaatatgac tttaacatta aggtttatgg gatactcaag atatttactc 1140
atgcatttac tctattgctt atgctttaaa aaaaaaagta gagctctttg gcaaaactgg 1200
gagtggcaga tatctgcctc aaacttatgt gggttcgaga gacctagtgt ctgtggagg 1260
aattcgtgat gttagtaacc ttggcatcct tatttaccac ctttgcaata acagaaagtc 1320
cttccgcctt cgtcgagag acctcttgct gggtttcaac aaacgtgcca ttgataaat 1380
30 ctggaagatt agacacttcc ccaacgaatt tattgttgag accaagatct gtcaagagta 1440
agaggcaaca gatagagtgt ctttggtaat aagaagtcag agatttacia tatgacttta 1500
acattaaggt ttatgggata ctcaagatat ttactcatgc atttactcta ttgcttatgc 1560
tttaaaaaaa ggaaaaaaa aaaactacta accactgcaa gctcttgtca aattttagtt 1620
taattggcat tgcttgttt ttgaaactga aattacatga gtttcatttt ttctttgaat 1680
35 ttatagggtt tagatttctg aaagcagcat gaatatatca cctaaccatc tgacaataaa 1740
ttccatccgt tgtttttttt gtttgttgt tttttctttt cctttaagta agctctttat 1800
tcatcttatg gtgcagcaat tttaaaattt gaaatatattt aaattgtttt tgaacttttt 1860
gtgtaaaaaa tatcagatct caacattgtt gggtttctttt gtttttcatt ttgtacaact 1920
ttcttgaatt tagaaattac atctttgcag ttctgttagg tgctctgtaa ttaacctgac 1980
40 ttatatgtga acaattttca tgagacagtc atttttaact aatgcagtga ttctttctca 2040
ctactatctg tattgtggaa tgcacaaaat tgtgtagggt ctgaatgctg taaggagttt 2100
aggttgtagt aattctacaa ccctataata aattttactc tatacaaaaa aaaaaacgaa 2160
ccgg

```

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2256 Basenpaare

50 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5:

```

15 tttgagactg agtctcactc ttttgcccag gctggagtgc agttactaac tttcatatga 60
   ttagtccttg gtaaatttcc ccatctttcc cggatatttct gggggagccg cgggaggtgg 120
   cagctgagcg tgcactacca tgcacagccc tctgtgacca gcacctgctg ttctcttgaa 180
   cgtgtgtccc tgcccgccgt cctggcctca agctcagctg tctccagtac tacacgggac 240
   ccagcaatgc aacggcaggg atggaaacgg agggcagctg cctggagaac cccaagtatt 300
   acaactatgt gggcgtgctg tccctcatcg ccaccatcat gctggtgcag gtcagccaca 360
   tggatgaagct cacgctcatg ctgctcgtcg caggcgccgt ggccaccatc aacctctatg 420
   cctggcgtcc cgtctttgat gaatacgacc acaagcgttt tcgggagcac gacttaccta 480
   tgggtggcctt agagcagatg caaggattca accctgggct caatggcact gacaggctgc 540
   ccctgggtgc ttccaagtac tctatgacgg tgatgggtgtt cctcatgatg ctgagcttct 600
   actactttcc ccgccacgta gaaaaactgg cacggacact tttcttgtgg aagattgagg 660
   tccacgacca gaaggaaactg gtctatgaga tgcgacgctg gaacgaggcc ttggtcacca 720
   acatgttgcc tgagcacgtg gcacgccatt tcctggggtc caagaagaga gatgaggagc 780
   tgtatagcca gacgtatgat gagattggag tcatgtttgc ctccctgccc aactttgctg 840
   acttctacac agaggagagc atcaacaatg gtggtattga gtgtctgctg ttcttcaatg 900
   aaatcatctc ggattttgac tctctcctgg acaatcccaa gtccgggtg atcacaaga 960
   tcaaaaccat tggcagcacg tatatggcgg ctccaggagt caccctcgat gtcaacacca 1020
   atggctttgc cagctccaac aagggaagaca agtccgagag agagcgctgg cagcacctgg 1080
   ctgacctggc cgacttcgcg ctggccatga aggatacgct caccaacatc aacaaccagt 1140
   ccttcaataa cttcatgctg cgcataggca tgaacaaagg cggggttctg gctggggtca 1200
   tcggagcccc gaaaccacac tacgacatct ggggcaatac agtcaatgta gccagcagg 1260
   tggagtccac gggggtcatg ggcaacattc agtggtgtaga agaaacccaa gtcattcctc 1320
   gagagtacgg cttccgcttt gtgaggcgag gccccatctt tgtgaagggg aagggggagc 1380
   tgctgacctt cttcttgaag gggcgggata agctagccac cttccccaat ggccccctc 1440
   tcacactgcc ccaccagggtg gtggacaact cctgaatggc ctcgagcctg caacagtcca 1500
   aaccggaagg gagaatttat tttttgaaac tgaaggaaat cccgaccttc ctggattgaa 1560
   gtgcacactc atggacttta ggtttgaaa cctcctcagc cttcatttgt tcgtggatgt 1620
   gtgagctctg aggggtggccc tgctattcct ctgtgtgcct gtagtgctcc cagcatagg 1680
   gtcttaggca taggggtgaa cagtccctcc agagccctcg ttccaatccc tgccgtcctt 1740
   gcccctgagg ggccctgacc actgtgagca ggagggtggc agagctggga caaagctgcc 1800
   tttgccgctg ggctttcccg gactgtggag ggagcacagg cggggaagct ccacttcaga 1860
   cagggttggg tggggcagga catggctccc attttgaagg gaggtctcca tgtggtccga 1920
   gtgaggtgag acggccctcg tcctggtggt cctgatcatc ttgaaagggt cttctggaac 1980
   tcctgtcccc ttagtcatga gaacagaaag tgcaatattt cctttcacct ggaggggag 2040
   gggggattta tttctgaaag aaaaatatat aaacagatct tctacattta tattttta 2100
   cttctgttaa atacactttc cgatattgcc ttgccttttg agctcttgct acagtcgcct 2160
   ttgctactgc ttttaagaaa tttacaggta ttgataaaga acaagactgt tttattaaaa 2220
   gctttattca acttgaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 2256

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1093 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:6:

```

20  atttcccaaa gaaggggtcaa gttcgagatc cctggacttc actacctccg gcatccaggt 60
    gcgctacctg aagatcattg agaagagtgg gtaccaggcc ctgccctggg tgcgttatat 120
    cacgcagaat ggagattacc agctccggac ccagtgaggg gctgtcgag ccaacacccc 180
    ggccctcggg ctctctgttg cagcaccagg ggacacacct gccaaaccca ccagatggag 240
    gggccctccc tggctctctg ccaccctccc agcctctgcc cagggaacccc tgccttcccc 300
25  aggccatctg ctctgccgtc gacactcgtc tcagaagccc ctttcccaga agaggctggg 360
    cttcaagaag tctcgtttct ttgcccctga agtcagtttc aggggaagga tgtgaaat 420
    ttccgtgtag aggttacagc cttttatgct gttgagctcc caggtaccaa aaagcttggc 480
    caacgcttgc cagccagcca gctgcaggtg gcatctgcca cgaaaggaag gccagcctcg 540
    ccaggccagc aggggctgctg ttttggtgcc attttgttga acgttatggg tttatgggtg 600
30  ttccctggaac ttgtctttgt gcattcgttg ctgtttgtgt taccctcact gtccccatgt 660
    cccaccacag tcctacggca ctcaggaagc acttggtgag gacgagccct cacccttctt 720
    gtcttccttc ccagcagcgc ccgcagcggg ccatttacac gtcgaggctg gcacctggcg 780
    cgctcggggg ccactgtagc gtctgcctgc tccctggact cgcaggcctc gcctgtggcg 840
    ccttccagg gccagcctgg gtcacgagat gctgtcactc agccagatca gtattgaccc 900
35  accaggggag gtgggggttg gtgagagacg ccagcctcag actttttccc actgaggggtc 960
    cagagagcgg ggccacgtgt caccacgtc tgcgcttggg caccgctcct ccccaccctg 1020
    tgtgtgttta tgtcatagtt acattaaatt ccattcattg aataactcaa aaaaaaaaaa 1080
    aaaaaaaaaa aaa                                     1093

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2191 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7:

```

10  tgggtttctga ctttatgtac tggtaattta ttgcacaggt ttttctgcat caaaaaagta 60
    tctgctaaaa tagagaaaca gttgtgtctg aattcacatt tcccccaac ttctaaaaat 120
    atttccccta aaaaagaatc cactcatcta attttaaga aaatatactt cttacacaag 180
    acaatccaaa ctgatgcaaa atatttattc caagttagtt attttatgca gtagtttccc 240
15  cctcgagact tgtgataacc acatctttta aatctgtaaa taatgttatc aaaataatct 300
    taatctttga aatctcacia aaatttatat ttacaatcc accctgaata tcaaggctgc 360
    aagaataaca caacatttcc tatatccaaa tattttacag ctgtacccaa aaaggaaaaa 420
    gaaaaaaaaa acaaaaaaaaaa acaaccaaaa aaaccacat atgcttgggt aagggtctaaa 480
    gttacccgag cagccaaaaa taaaataaaa tatccaaatt attagcatta atttaataca 540
20  attataactt caatagtcac tttgtcattg acaatgattg cttgatcaca ggggtgagtg 600
    ccccaagggc tggtagtaga agctgttgc tgcagaccag gtctctctct cctgcactg 660
    ccagctccta cctgtgcac gccccatata tactgggtgt gtatgtgtgt gtgtgtgtga 720
    gtgtgtttta aaaatctgtc ccaccacaca aacttctctc tataaagcag ataacaggga 780
    agaacaataa caaaagcaaa acaagccaat tgctctctct ttgggatatg attatttccc 840
25  ttgtgaatga agtattcaac aacataagaa aaggaaaaga acgatttctt ttgtatactc 900
    cctaaacaca cagagtttac tgggtcagat ttaactgtga gcatttatat gcctacttcc 960
    aggcacgtc atctgatgtt tcaactgtga tgggttcggt gtctgagtc tcaaactctg 1020
    ctttgcaagt gcttctccaa ggggagaaca gactggaact gcggctctgc aagaagccat 1080
    tctttccaaa gccatttctt ctacgtgct ctgtcttcat gtggaactct ttgagctcat 1140
30  cctctgtgag gggaaggcaa ttctcatcat ttccaggata ttctgcca cccatagctt 1200
    tcaataacct gtgctctgct tctagagagt gtgagagaac ctccccttct tccactacag 1260
    ggagggcaag accattttga tgacagcctt cctcccatt ttcccttgggt tcagggtgtg 1320
    tgttgtcctc caaatcttcc agcttgtcac agtctctatt ctctgagaag tctccattcc 1380
    ggtcatcctt cagagtttcc aggaactcac tcttctgtc ggtggttcg cggttcaact 1440
35  tggtcagacg agaggagctg atctcaattg gagggttgggt gctggaggga ctctcttggg 1500
    gagaactcag agctgcacca ctacccagta ccactgggtt ggtaacagag attggactgg 1560
    taaaagcaga ctcccggcta gaggaagggt atcctgactt gtgctccatc ctggttagct 1620
    tccatgcatt aggccttgaa ggaggtggta caggcttagg aaccagggtt ttatagacac 1680
    ttggaaccac ggatgacaat ttgttcccat ttgcatggtg agatcctgggt gaggtgaatg 1740
40  cagcagagaa ggcagcagca ggatcctctt tggaaaactt ttgataact agcatctggg 1800
    aggggttgc tggacttagg ggggtttccc atactccaga aggtgtccca ataggctgc 1860
    atggctgatg ctgtttgcca gcttctggat tcaagggaagg aaagtcctcc tcttcaaaact 1920
    gcaacttttc cacettgtct tctttctttt ctccctaact ctccataggt ggcttttctt 1980
    gaaaagcaca cctttccgg gagtggaaag tgccattcca atggcgatgg ttccctgtgc 2040
45  cacctccact acgttggctc atgccatcat gacctcggga agagctatgc caaccagatg 2100
    ggttccctgt gattccagca tatgtccct tagagacacc agagtccaca gaatcatggc 2160
    ggaacaggga gggctggtgc caagaatctc c 2191
  
```

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 55 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8:

ccctggccaa ctttacccca ggccctgcc aacctcacctg cacgctaacc ttcacctccc 60
 ccgcccgcct gcacctcac cccccctggc caacttcacc ctgggctgtg cccccctgcc120
 accccagggc tgaggtgggc tgagtgccca cttccagact gggccactgg cacctcgagg180
 20 gcatggggag gaccagcga tccccccca ccaggcata aagagccacc caaggagctg240
 gacacggcct cctcgatga ggagaatgag gacggagact tcacggtgta cgagtgcccg300
 ggccctggccc cgaccgggga aatggagggtg cgcaaccctc tgttcgacca cgccgcactg360
 tccgcgcccc tgccggcccc cagctcaccg cctgcactgc catgacctgg aggcagacag420
 acgcccacct gctccccgac ctcgaggccc ccggggaggg gcagggcctg gagcttccca480
 25 ctaaaaacat gttttgatgc tgtgtgcttt tggttgggcc tcgggctcca ggccctggga540
 ccccttgcca gggagacccc cgaacctttg tgccaggaca cctcctggtc ccctgcacct600
 ctctgttcg gtttagaccc ccaaactgga gggggcatgg agaaccgtag agcgcaggaa660
 cggttgggta attctagaga caaaagccaa ttaaagtcca tttcagacct gcggaaaaaa720
 aaaaaaaaaa gggg 734

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

(A) LÄNGE: 2802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

5   gagttctctc tggagtctcg agcccgggaa gtgcgttttg gtgaacctga gcaagggtggg 60
   cgagtatttg tggaaacgcca tcctggaggg agaagagccc atcgacattg acaagatcaa 120
   caaggagcgc tccatggcca ccgtggatga ggaggaaacag gcggtgttgg acaggcttac 180
   ctttgactac caccagaagc tgcagggcaa gccacagagc catgagctga aagtccatga 240
   gatgctgaag aaggggtggg atgctgaagg ttctcccttc cgaggccagc gattcgaccc 300
   tgccatgttc aacatctccc cgggggctgt gcagtttaa tgaccagaag gaaaggaaac 360
10  cctcgccggg ggggaggcag agccttatcc tgggtgccc ttcttggttc cctgcattcc 420
   agggacttgc tcgtcttgtt tacccttagc catcctttct ttcaagggtg aaccaggcct 480
   tccaccctga ccttgcatct ccagactgtt ccagagaagg tgcggggcca gctgctatgt 540
   ggtggccgct gtggctgaca ctgagtgaag gtgtttgaaa tgcaggagag gatatcccag 600
   caaattggga tcacatgctt ttgtctccac agcaaccagc cactgcaggc agcatgtctt 660
15  tcctcccttg ctctctgctt gctgttgtt gcgactctcag gcgaagtga gtcattgaag tgtgtgaagc 780
   tgggatgttg agttgttgct ggactctcag tgcgaagtga gtcattgaag tgtgtgaagc 780
   tctgtgcttg catgagggca agcaaggaaat ggctgtgcct gaggctgctc tgggaaactc 840
   cttgccccct gacctctttt gagagcattc acgtgtgtct cttgctcadc cccttataaa 900
   tgtgctttgc ctgcctcagc ctcatggtca gagcagtggg gactggagcc ctgtttgcac 960
20  gttctagttg ttcggagaaa gcctagggtt tgggctcagg tccagatgca gcggggattc 1020
   tgttctctga ctgtggcgac cttgcttttg ttcttggtga agtgaaccaa gccgggccac 1080
   cacgcatggc atgctgtgct tggctcccc taagacgtcc tctttgggtg caggtgtcal 1140
   aagtgtgggc aggagtgagg agctggtgcc ttcaggagga gaccacagca tgtccatcag 1200
   ctgacagagc ctcgacagcc acaagctctg agaagctttg acctgaagg gcttctggga 1260
25  gaggaggaat ttctgcatgg ggcgtgaagg cacactgtcc caccacaact gaaccagaag 1320
   agagtgaaga ctccccctt cccatcctct gtgccagggt ccagactgtg ctccctggaa 1380
   cttatggccc aatcttacct gttctccagg gactggtcac tgcctcagga cccccaagcc 1440
   tatgccctga gccatggctg ctgactgact ccagccaagg tgcaaagacg agattatgag 1500
   acaggctctc aggcctgtgt tccaagtact cacaggggct ctgggtgccc atcgccggga 1560
30  gtatggttca gctgccaccg gcactgtcca ttgctgtc tgcaagctc agagcatgga 1620
   taagccacac agcagggcag tgcaccctgg caccatgcac ggccagcaag aatcaaggcc 1680
   cgcagatgct aagagggcct attgtcaggg gaagggtccc gctcctgcac actctctatg 1740
   gatacttggg ttgtgggggc tctcttgagg agtaagttt tggtttgtt ctggtttaca 1800
   gtggtggctg acacccttg taagaaagca ttctgggaa gtcttctgtg ggtccaaaca 1860
35  tgttgctccg atcatcacag gagagcaaaa ggccctagat acccccttg gaatgtgaga 1920
   gtcttggtgt ctgatatttg cactgagct ggtgaagccc ctctaaagag atctcgacct 1980
   tggggagcag aattcttgtc atctatgagg ggtcctgaga aagacttgtc atttttttc 2040
   ctggagttct tccattgag gtcttaggat ttgcacacca ctgtcccaca agagcttcc 2100
   tgccctaatg aaggaggtct tgtggtgtgt gtctcctctc ttctctatag ttcccgagtt 2160
40  ggcccccat gacgccccca cctgtgggt agtctccag aagtgatgca gtggtgtgag 2220
   atgccctaca cctgtttatt tgggagact tgagagtcac tcaactccat ggtgactagt 2280
   gtttgttttg cctgatttta tattctgtgt tgcatttctc ccaactccct gccctgcttt 2340
   aataaacagc aaaccaatat ctaggaaaga tgactgaggg atagtattgg gtattggccc 2400
   catggcagga acagccactt gcactctggt ccggtgccac actgcgggtc ttggtgtggt 2460
45  tgtggagcct gtccctgcgc gccttgctcc cgttgagcca cgtgtctgg tgggtgattc 2520
   tctgccctga gccaccacc tggactggcc cagtctccag agctggcaca ccctgcctgt 2580
   tttctcttt tagacacaac agccgcagtt tggccagcca ctaagtcca ccagctgagg 2640
   tccgagggaa gcgggggtgac tcatttcctt tgtccagggc ccgaggagag tgaggtgtcc 2700
   agcctgcaaa gctattccag ctcttggtg ttggtttgca ataaattggt atttaagcaa 2760
50  aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 2802

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1011 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:9:

```

20  ggcgcacgta atcgccgagg gcacgtgcat gccccctggt taagagttgc aggtagcggg 60
    agcgattgga cactctggat cgagtagtaa agcccaaaac gaaaagagcc aagagattcc 120
    ttgagaagag agaaccgaaa ctcaatgaaa atattaaaaa tgccatgctg attaaagggg 180
    gaaatgcaaa tgcaacagtg acaaaagtac ttaaagatgt gtatgcactg aaaaaacccat 240
    acggtgtact atataaaaag aaaaatatta caagaccttt tgaggatcag acatcactgg 300
    aattcttttc aaagaagtca gattgttctt tattcatgtt tggctcccat aataagaagc 360
25  ggccaaataa tctagtaata ggctgtatgt atgactacca tgtgctggat atgattgaat 420
    taggtattga gaattttgtc tctctaaaag acattaagaa cagtaaagt cctgagggaa 480
    caaaacccat gctgatattt gctggcgatg atttcgatgt aacagaagat tatagaagac 540
    taaaaagtct tcttattgat ttcttcagag gccccacagt atcaaataatc cgcctggctg 600
    gattagagta tgttctgcac ttactgcac tgaattggaa gatttacttt cgaagtata 660
30  agttgctgtt gaagaaatct ggttcagaa caccacggat tgaattggaa gagatgggac 720
    cctcattgga tctggttctg aggaggacac acctggcatc ggatgacctt tataaattat 780
    ctatgaaaat gccaaaagct ctcaagccaa agaagaagaa aaatatttcc catgatactt 840
    ttggtacaac ttatggaagg attcatatgc agaagcaaga cctaagcaaa ctacaaacca 900
    ggaaaatgaa ggggttgaag aagcgacctg cagaaaggat aacagaagac cacgagaaaa 960
35  agtcaaaaag aattaaaaaa aattgatgga acttaaaaaa aaaaaaaaaa a 1011

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 740 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11:

```

10 aactctctcc cttttccctc tctttctccc ctcttctct ctttctttct cttttaagc 60
   attttggtta tttttagtta aagaaaaaca gctttctcca agggcgacaa agtgaactga120
   aggtcagaag gaagctgggt gcgggcttcc tgcaagctct tgctccaaaa cctggaagtgl80
   aggagagggc gctccggagc tctggggaag gttggtgcac acaggggttc cgttgggtggg240
   ggagaagagc cgccagcca cacacgttca ctggattggt gtgagtgggt tccaagcgac300
   tgccatgtgc tagtcactg acatgattga cattaacatt cttggggggc attaaattaa360
15 ggaatgacac agggagcaa gagagtggct tattcggtg gattctgaat cacaatcagg420
   aaatagtctt tatctggtgc aaccataatt tcatttttct tggagcgaat tcgaaggag480
   gtgagatcgt tctgggggtc gatgtcacgc acgggtgctc gtgccttcag gatgaagctg540
   tgcagagggc tggcatactg ggtggtggtg gggttgtcca tgggtgctct gatgggaatg600
   ccttctgtgt tcacgacgat gattccctgc actcccttct ggctctgcag tcgcttcagt660
20 gtctctcca cctctgccat ttccgaccga tccggtagcc ccgctagcg aacacttagc720
   gagtctgtg cctttctgag 740

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1159 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12:

```

50 cacggctgaa ggacaagagg tgggtgccct gtgctggggg ttttggtgg tccaacaacg 60
   tccgacgctt tgtgatcgaa gaggttcctg gtgagctcat gcaggaagac ctggcaacgg 120
   atggacgtca tgcttctgga cacctgggac caggtctttg tctgggttgg aaaggattct 180
   caagaagaag aaaagacaga agccttgact tctgctaagc ggtacatcga gacggacca 240
   gccaatcggg atcggcgagc ggccatcacc gtggtgaagc aaggctttga gcctccctcc 300
55 tttgtgggct gggttccttg ctgggatgat gattacgggt ctgtgttctt gaaaaccccc 360

```

```

5  -agccgcct accctgtgggt gggtagagga gccagcgagg cagagaagac gggggcccag 420
   gagctgctca ggggtgctgcg ggcccaacct gtgcagggtg cagaaggcag cgagccagat 480
   ggcttctggg agggccctggg cggaagggt gcctaccgca catccccacg gctgaaggac 540
   aagaagatgg atgcccattcc tcctcgcttc tttgcctgct ccaacaagat tggacgtttt 600
   gtgatcgaag aggttcctgg tgagctcatg caggaagacc tggcaacgga tgacgtcatg 660
   cttctggaca cctgggacca ggtctttgtc tgggttgaa aggattctca agaagaagaa 720
   aagacagaag ccttgacttc tgctaagcgg tacatcgaga cggaccacgc caatcgggat 780
   cggcggacgc ccatcaccgt ggtgaagcaa ggctttgagc ctccctcctt tgtgggctgg 840
   -ccttggtt gggatgatga ttactggtct gtggaccctt tggacagggc catggctgag 900
10  -gggtgctt gaggaggggc agggcccacc catgtcaccg gtcagtgcct tttggaactg 960
   tccttccttc aaagaggcct tagagcgagc agagcagctc tgctgtgtgt gtgtgtttgt 1020
   tccttttttt ttacagtat ccaaaaatag ccctgcaaaa attcagagtc cttgcaaaaat 1080
   tgtctaaaaat gtcagtgttt gggaaattaa atccaataaa aacattttga agtgtgtaaa 1140
   aaaaaacgag ctcgagccg                                     1159

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2099 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:13:

```

45  acctcttttt cccctttctt tcttttttct tctttgcttt cttcttcttt tttttttttt 60
   taattttgaa tgtattttta aatttttttt ttcaaaataa tgacattagt aaaaatttta 120
   catagcctgt attgaattca cacattcaaa tgaggcttta ccagtaatga tggggattaa 180
   tacagagcta gtgtttggca tttgacttta tctcaaatga gctaactgct caatgaatta 240
   cagaagactc atactctttt ttttttttcc tggaaattaa aaaagaaaag ctttactaaa 300
   tattgacata tatattttact ccaaatttta catttagtga aataagaata tctctagtag 360
   ctcagttaac atcaacagaa agcttcaaaa gatgattctg aaaatggcag gcaaaatttc 420
   tttttattgt aggcaattac ttaaactgga aatttggtt tatgcataat aagtcagtgtg 480
   ggtaaaacat ccacattgca gttaggtttc cagtatctag cttttattta ttttttagca 540
   atgacattaa caagattttg ccaggttata aaaatgaggg ctttcttgag aattacttat 600
   agtttccgag ttgaatggca gagcgcacgt agacacatct gaagggtgat ggctgtatct 660
   cccagtactg gaccgggttg ctgaaaagac tcacaccgca ataagaagcc tttttggtgt 720
55  tgtgtccagg tgggcagaag tcacttgatc caactacaga gatattgttg ttatgaaggt 780
   agacaacctg gatgtacttt ccccttctcc ttacggaatt acatcttgat ggcaacaaaa 840
   tcagcagagt tgatgcagct agcctgaaag gactgaataa tttggctaag ttgggattga 900

```

```

gtttcaacag catctctgct gttgacaatg gctctctggc caacacgcct catctgaggg 960
agcttcactt ggacaacaac aagcttacca gagtacctgg tgggctggca gagcataagt1020
acatccaggt tgtctacctt cataacaaca atatctctgt agttggatca agtgacttct1080
gcccacctgg acacaacacc aaaaaggctt cttattcggg tgtgagtcct ttcagcaacc1140
5  cgggtccagta ctgggagata cagccatcca ccttcagatg tgtctacgtg cgctctgccal200
ttcaactcgg aaactataag taattctcaa gaaagccctc atttttataa cctggcaaaa1260
tcttggtaat gtcattgcta aaaaataaat aaaagctaga tactggaaac ctaactgcaal320
tgtggatgtt ttacccacat gacttattat gcataaagcc aaatttcag ttttaagtaat1380
tgcctacaat aaaaagaaat tttgcctgcc attttcagaa tcatcttttg aagctttctgl440
10 ttgatgttaa ctgagctact agagatattc ttatttcact aaatgtaaaa tttggagtaa1500
atataatgtt caatatttag taaagctttt cttttttaat ttccaggaaa aaataaaaag1560
agtatgagtc ttctgtaatt cattgagcag ttagctcatt tgagataaag tcaaagcca1620
aacactagct ctgtattaat ccccatcatt actggtaaa cctcatttga atgtgtgaat1680
tcaatacagg ctatgtaaaa tttttactaa tgtcattatt ttgaaaaaat aaatttaaaa1740
15 atacattcaa aattactatt gtatacaagc ttaattgtta atattcccta aacacaattt1800
tatgaaggga gaagacattg gtttggtgac aataacagta catcttttca agttctcagc1860
tatttcttct acctctccct atcttacatt tgagtatggg aacttatgtc atctatgttg1920
aatgtaagct tataaagcac aaagcataca tttcctgact ggtctagaga actgatgttt1980
caatttacc cttctgctaaa taaatattaa aactatcatg tgaaaaaaag taatcaggct2040
20 gaacatttct acaattacta gatgtattag acgtaagtat tttctttagt taaaccacc 2099

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 596 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14:

```

ctttaaccgg gcttttaaa gagtagtaac tgggccagga aaggtcttag aagcgatttt 60
tggaggctag tggacggtgt tctctactg caaatatttt catatgggag gatggttttc120
tcttcattga agtccttgga attgattcta aggtgatgtt cttagcatt taattcctgt180
caaatTTTTT gttctccct tctgccatct taaatgtaag ctgaaactgg tctactgtgt240
ctctaggggt aagccaaaag acaaaaaaaa ttttactact tttgagattg ccccaatgta300
cagaattata taattctaac gcttaaatca tgtgaaaggg ttgctgctgt cagccttgcc360
cactgtgact tcaaaccaa ggaggaactc ttgatcaagg atgcccacc ctgtgatcag420
55 gaacctcaa atactggcca tgaggaaact aggaggggca ggtctttcat aaaaaggccc480
tttggaaccc ctttcccg cctgtgttt aaggagata gggggatatt ggggcccctt540
cacttgacgc tggccacatt tggtcagtca ttctcagcct tgggactttg tttcaa 596

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16:

```

acaacccccg ccacccaaac ctcccagget tctttttttc tttttttttg ttttttttgg 60
tttcaaagt: ataatgcatg gtttaaaaga gagaaaagga aaaaagacac aaagctgggt 120
30 acagggtctga gggaggtctaa ggagagaaaa atagagggag agtaaaaggg ggacaaattt 180
agggaaaatc cagtggccca aaatcccagt atcccacca cagcccagcc cttggagcag 240
gagtgaagaa ttagatcagt tttgtacaag agttttttta aaaaaatcaa atcacaacaa 300
agctgacttg gcttctcttt gagcctcctg gatcacgta tgtctgtcac tctggccagt 360
cctgcctctt cacaacact gattcggctc tcctaggctt ccgcctgtgt cccagtctgg 420
35 ggtttccatg gagtgtgaac acgaagttaa gagtggaggt gcttcagagc ccctggccca 480
tgtgtccatc cagactccaa gtggagtgta gggctcccag ggcagagagg ggtgggagg 540
gcagaccctg cccaggcagt cctcacattg gacagggcag cagacggcat cccaagggt 600
cgccctccct ttccccccca cccaactca ggtggagggg gagcagctgt caccagagcc 660
gatgttggtg aaggtttcgg ctccagcacg aacgaacatc agcgggtgaa ctgagggcat 720
40 ccagcattgg gagcagggtg agaagggtg tgtcgctggg gtcactgaac caggatttga 780
tggggatggc attgtctgga tggctcctgt aagcccctgg ggagttatcc aggatcacia 840
tgctggagag gtcactgtgg accacagaga ggtccttgat gtagctgccc aactccaaag 900
tgcagtgtct tctgtaatat ctctctttaa gaatgcttct gctattgtcc agtttatctg 960
ccacagcaga gccatagatc tccatgcttg ctgtaaacac caccagctcg taccactggc1020
45 tcaccacttc caggaagaaa tccacatggg gcctcttatg taaaaaaac cggacaggat1080
gtttgtctat taccaccttg aggatgaagt caggaggcgt accaggccgg actgtgggccc1140
tcaggacccc atcatggtgg gagtgaataa gtgtctcatc cagatccagc accaggatct1200
tcctcttcac ctgggctagc cgattccggg acacaggaga taaggggagg atatcatatc1260
gaacagtttg gtactgaatt accgtgcgga tctgcctccg caaaaggtaa atgaagaagc1320
50 tccagagctt ggcggcgaag gccacgaacg tgcgcagccc cagcagacac tgcgtccgca1380
tcatcccgat gaccgggcac cgccggcccc ggggcccccg cggcccagct ccgcccagccc1440
cccgggggca gcccccgcc gccgggacgg ggcacggggg ccccagtggt caggagacgc1500
tgacagaggg ggcacggagc gggccgctca gaaagccacc cctggcgagg gtaaaagccc1560
gcggaacggg gagctggggc acaggcgtgg gcagcccggg ggggcccaca tgggctggga1620
55 gtgcaccga cggttcggg gcagggtgcg ggccgagaca ggtagggcta ggatgggggtc1680
ctccgagacc tggagggaag gggaa 1705

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2396 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18:

```

30 caggggtgag tgaaaacagg gtgagtctgg acattctgca gtcagccact gttcttggct 60
   tccaacccaaa agcaaaacta aggcaaggca gagcacagag ggtgctcagg cagaagctgc 120
   ttcccctcct ggtgcagcca ttagctgctg tagtatctgt gacctgtcag aacctgcttc 180
   cttcattttg ggaatatttg accaacctca gagcaattgc tgttacgagc caaggaggtc 240
   aaagagcaat gtccagtctt cccattctgt ccaagtcaga tttatcgacc atgtttcggg 300
   aaaagggtgag cctcagggat agtttgtcaa tggctgagct aatcacaaag gtgcctgggc 360
35 aggaatactg gcaccagcca aatttgcatc acttggtctg agcaattgag ctttgtttga 420
   agaatgggag gggataaaga agataactga tcatcttctc aggtgactga cctgggtgatt 480
   aggagcagcc ttcttggtatg cagttaggca aagtctgaat gtcttccctt ctccccccac 540
   cgctctctcc tgccacccca ggagcaacat ataaaaatgt gtagctccag gcatgaaagt 600
   agcttctgtc tacacaatgc aggtcaaaga gaaggaaactg accaggtgtc caggcaccaa 660
40 aataccaggc tggctctagc ccaactctcc ttctcacatg cccacgttca cgcaactaac 720
   tcacagggtt ttggggaaga ctaagacgga gtgaatgtaa aaccactcc cttctgcccc 780
   cgttcacatg gtccatgctg agggaattca gaaaaggaga cagaccggg ggggtgctgc 840
   agtcaaggca agtttctcga aggaaggag cagaactcag gaggacatgg actggaacag 900
   tcagggcaat ttcaggctgt gacaaagctg gaacggacga ctgtagcagg agcaggagtc 960
45 actgacattc taggccaggc cagggtctaa ccagagaacc tattaatagt aatccacaaa1020
   tagatatggg gcacctccta ggaactctcc ttgttccaag cgtcgtacct cgtgtgatcc1080
   ttagcggtc tctgaagcag acagaagagg gccagccatc tttcttccac ctttgaggct1140
   tgggaagggt gagacttgc ggtgacttac aactccatca aaggggcatg gtgaaataag1200
   ggcctgggct cctgacttct gggctagggc tcttccaaag gcagagtctg gagaggcctg1260
50 gctgtggcca gaccatgggg caagtggcta gaggggagag tagacagcag aggcagctgt1320
   ggccccggg attagcactg ggggaccgga tgggggaggg aggcctcact ttgttctatc1380
   tgagcagctt cctcggcagt catgggactg attgagacca cgcgagggtc cctcccgggg1440
   gcaggaggga ctcagaggct gccccgttgt ctgggggttg ccctggcgaa ggagctcatc1500
   ttcacgggcc gacgactgag tggaactgag gccacgtac tggggctggt gaatcacgct1560
55 gtggcccaga acgaggaggg ggacgccgcc taccagcggg cacgagcact ggcccaggag1620
   atcctgcccc agggccccc atgccgtgcgg ctgggcaaa tagccattga ccgaggaaacg1680

```

```

5 gaggtggaca ttgcatctgg gatggccatt gaagggatgt gctatgcccc gaatatccca1740
  acccgggacc ggctagaggg catggcagcc ttcagggaga agcggactcc caaatgtgt1800
  ggcaaatgac ccccatTTta accttcagca tgggagatgc atgccctgaa gagcaggatc1860
  cagaaggaag atttgtggcc agattgcctt catcatttca cctctccaga cttccatttc1920
10 ttcacaagga tgatgatgga aataaaatga ctggcgtgat gcctggaacc aaggtgctga1980
  tcttaccacc tactgctacc ttccttagct tcaccctggc tagaaataat cacgagggtt2040
  gggtttgctt tggaaaatgc ctgtctctct acttgaatga taaagaatta aattagatat2100
  ctctgaaaaa tggatcatt ggctctcagc ccctgacctc tctcagttat caggcactca2160
  ttagagatgt cagaagattt taagataccc ctagtctctt cctgtgaaca acagaggtaa2220
15 taaataaact ctgacatcgg ttgaacatgt gtcaggggtc agactgcaga tcccagcttc2280
  tggcagttac ttgctgtata accgtggaca aattgtttaa atgctctggg cctcagcttc2340
  ctcacctaca aaacaaaact tgtgaagatt tagcaaaata aaaacacttc atattc 2396

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 869 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:19:

```

40 ggcgagtcgg gcgccaagcg cggggccgga gcggccttcc cggagtcctt tgcgcggcac 60
  ctggcgacaa aatggctgcc cgaggagagc gggcgagct cagggccggg aggctccggg120
  ccccgcgggc ggtggcggtg gcgggagccg ttgggctgag tcgggatcgg ggacgtcgcc180
  cgagagcggg gacgaggagg tgctgggcgc gggttcgagc ccggtgtcgg gcggcggtgaa240
  cttgttcgcc aacgacggca gcttcctgga gctgttcaag cggaagatgg aggaggagca300
  gcggcaacgg caggaggagc cgccccggg tccgcagcga cccgaccagt cggccgcccgc360
45 cgctggcccc ggggatccga agaggaaggg cggcccgggc tccacactta gcttcgtggg420
  caaacgcaga ggcgggaaca aactagccct caagacggga atagtagcca agaagcagaa480
  gacggaggat gaggtattaa caagtaaagg tgacgcgtgg gccaaagtaca tggcagaagt540
  gaaaaagtac aaagctcacc agtgcggtga cgatgataaa actcggcccc tggtgaaatg600
  acgccccctc cccacctgcc catggcctgg gactctctgc gatgtacata actattttaat660
50 gcagcggcag gggcgacagc ttccctgaga ggacttaaaa gcagaaggaa accgagatgc720
  ttcccgcagc cgtggacgat tctccaggac tcttttttta ccttgagcac ttgcctcgtg780
  agaccttcaa tagaaccag tggggtttac tgtgcccccc cgtttttgac cttccttaat840
  tgtttttgtg ggtttttgct tgcctttgc 869

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1462 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20:

25 aagaaagggc tagtaagttg gtgaaatacc tgttggttaa ggaccagaca aagatcccca 60
 tcaaacgctc agacatgctg agggatgtca tccaagaata tgatgaatat ttcccagaaa 120
 tcattgaacg agcaagctac actctggaga agatgtttcg agtcaatctg aaagaaattg 180
 ataagcaaaag tagcttgat attctcatca gcactcagga atcctctgca ggcatactgg 240
 30 gaacgaccaa ggacacaccc aagctgggtc tcctcatggt gattctgagt gtcattttta 300
 tgaatggcaa caaggccagt gaggctgtca tctgggaggt gctgcgcaag ttggggctgc 360
 gcctggggta tgatttgggc tctctcagcg cttgctgtcc gtgttgctct ttggcaagag 420
 aggacgggcc taggattgca tcagtctggt ggtctggtgg agcgggtggg gtgctggact 480
 gggtagaggg ccaggggttc tgacctgggt ggatgatggg tgaatgggtcc tgaactctct 540
 35 gctccctctc tcagtgtctc ttgggcttct atggagcttc cctcttgtgc tggaaacctc 600
 ttttccatct tggaaatgcc tctgccaca tctgggaagt gccatagcct tgagtgcact 660
 tctctcagga tacatcattc actctttggg gacgtgaaga agctcatcac tgatgagttt 720
 gtgaagcaga agtacctgga ctatgccaga gtccccaata gcaatccccc tgaatatgag 780
 ttcttctggg gcctgcgctc ttactatgag accagcaaga tgaagtccct caagtttgcc 840
 40 tgcaaggtac aaaagaagga tccaagga tgggcagctc agtaccgaga ggcgatggaa 900
 gcggatttga aggctgcagc tgaggctgca gctgaagcca aggctagggc cgagattaga 960
 gctcgaatgg gcattgggct cggctcggag aatgctgccg ggccctgcaa ctggggacgaa1020
 gctgatatcg gacctgggc caaagcccg atccaggcgg gagcagaagc taaagccaaa1080
 gcccaagaga gtggcagtgc cagcactggt gccagtacca gtaccaataa cagtgccagt1140
 45 gccagtgccg gcaccagtgg tggcttcagt gctggtgccg gcctgaccgc cactctcaca1200
 tttgggctct tcgctggcct tgggtggagct ggtgccagca ccagtggcag ctctggtgcc1260
 tgtgttttct cctacaagtg agattttaga tattgttaat cctgccagtc tttctcttca1320
 agccaggggt catcctcaga aacctactca acacagcact ctaggcagcc actatcaatc1380
 aattgaagtt gacactctgc attaaatcta tttgccattt ctgaaaaaaa aaaaaaaaaa1440
 50 aaaaaaaaaa aagaaaaaaa ag 1462

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1676 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:21:

```

gcggttcctcg agccggcccc aggtcaccgc cagcacgcgc ctgcttcccc tctgcgcgag 60
tccacgcagc tccccaggcc cttcaccagc acagcagcag caggcatggc agcaagcgtg 120
25 gagcagcgcg agggcaccat ccagggtcag ggccaggccc tcttcttccg agaggccctg 180
cccggcagtg ggcaaggctcg cttctctgta ctgctgctgc atgggtattcg cttctcctcc 240
gagacctggc agaacctggg tacactgcac aggtcggccc aggtcggcta ccgggctgtg 300
gccattgacc tgccaggtct ggggcactcc aagggaagcag cagcccctgc ccctattggg 360
gagctggccc ctggcagctt cctggcggtc gtggtggatg ccttggagct gggcccccgc 420
30 gttgtgatca gtccatcact gagtggcatg tactccctgc cttctctcac ggccctggc 480
tcccagctcc cgggctttgt gccagtggcc cccatctgca ctgacaaaat caatgctgcc 540
aactatgcc a gtgtgaagac tccagctctg attgtatatg gagaccagga ccccatgggt 600
cagaccagct ttgagcacct gaagcagctg cccaaccacc ggtgctgat catgaagggg 660
gcggggcacc cctgttacct ggacaaacca gaggagtggc atacagggtc gctggacttc 720
35 ctgcaggggc tccagtgaag cccagcactg ctgcaggggg tgggctgcct gcctgctctg 780
agctctctct tgcacgctct ctcttctctc ccaggctctg gctcatgcac atgcaacagg 840
tgctctgtgc tatatgtctg gggtctgtgc ttttgtggtc tggttgtctt ttctacctct 900
ttctcttgca gtgatagact gagggggtaa aatcaagaga aaaaactctc aggaatcaag 960
gaacataatc ctgtggaggg taatccatta catgagcttc tcctgttctt ccactttcctt 1020
40 gcctggcttt cactccttcc cctgctctgc ccagccttc cctccccacc actcctcctt 1080
ctgcaaatgc cctgaaggcc agcccttacc ccaacaccca cttccccacc tccttaggcc 1140
ccagatacat acatgcccac atgcacgctt acatgtttag agccatcctt gtttccaaat 1200
atgacccttc gcttgagggc aactgcatag gtacatctaa ctctggactg gcatgcacat 1260
tgctcatgtg agctttgcat atacacacat gcatacatga gcctccacac aagcacttgc 1320
45 acacatgtgg actcctaacc atgctaacct cactggctgg gaaggtgggg accccatggg 1380
ccagcccttg caggaggccc ttttgcaagg cttagggtgt ggccagccct gaaagctact 1440
tggaacacag tttcagctgg cccagcccca gaagtgacct ccagaaaggg agggccaccg 1500
ctttgcccc tgcttttacc ctctcttctg ggtgctctac acctcaggtt accaggcctg 1560
aggcatctca gccaaagctt tttcctgtct tgaggcttgt ggggtgggag ccagagtggg 1620
50 ggtcggtgaa ataaagtgat gcaattagaa aaaagaaaa aaaaaacaga cgcggc 1676

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 602 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

```

tccaccatta attgggggtt tttttcccct cttttctttc cacagcactt tggatatcca 60
ggcagcggct tccttttgge gatattaaat aaaaaaacga aacaaacagt gggaaaaaag120
25 taaatgaagc ccaactacct aaccctttct tatttgatt tgtttagta ttgtgaagtt180
gtgttaaata gtactagcta gaaatacaaa tttctgggta tcatttctct tccctgtggc240
acttgacatt ttaattgtct taaagttttt gaagtacatc ttctggcccc ttgagtactg300
ccagaggcaa aagatgtttg tttcttattc attccacttt tgtctcctgg gatcccttct360
gtagcctaaa gtatggctgg gaaatggact tgagaagatt ggcttgaatt agatcataat420
30 catgtgtgat cccatcatga attcattgga atttgtgttg catgtaaggc aatctttcct480
gttgtaaatc ttcctttttt aatgtacata tattttgaaa aatatgaata aacatgaaat540
tttaaaagct gctgaaaaaa aaagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa agaaaaaggag600
at
602

```

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23:

aaagatgggc tatattatat ctgtaaccta actgaagtgg tcaggtacag aataagacac 60
 tgatgcaaga agcagagagg taaaatcagg atcaaagccc tgagtagacc acagagatgg120
 10 atttaataca caaattgatg tgtgagtcct tagataaaag tagggacagt tcatttggtal80
 aaataaaatg tacggtagaa tacgaagtta caaatcacgt tgcctttccc tcaacaaata240
 catacatata ctaacttaac tggctttcca ccacgcatga tttaatgcca aaattggttac300
 aatggtccgt aagatccttt acatcccggg cagtgcatac gttctctgac ttgtata 357

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 656 Basenpaare
 20 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 25 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:24:

40

tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgccccg 60
 cttcacacccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
 ctcctctgat actgtgcccc cttggagata tttccgtcct ccaccacagt gtctgtggct180
 ggaactgccc agcctgctcc tggccccctg gaagcctccc cacagctggt aatctggact240
 45 taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccatatttaa gtggagcccc300
 tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360
 gaggggggttc ttggtgctac agccctctcc ccaccctaa agggacgccg acgctgtttg420
 ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
 agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcccc540
 50 ccactgtccc ccaccccatg gctggggagg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
 cgaataaagc caaggcttct tccccaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 656

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 745 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:25:

```

25  gcctgatggg ctggagccag actgtggtct gaggaggaga cacagcctta taagctgagg 60
    gagtggagag gcccggggcc aggaaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga120
    ggcagggaag acaagccagg cacgatggcc accttcccac cagcaaccag cgccccccag180
    cagccccccag gcccggagga cgaggactcc agcctggatg aatctgacct ctatagcctg240
    gcccattcct acctcggagg tggaggcccg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc300
30  aacaccaacc gcccagccc tggcgggcac gagaggaaac tggtgaccaa gctgcagaat360
    tcagagagga agaagcgagg ggcacggcgc tgagacagag ctggagatga ggccagacca420
    tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggaccc aggacaggat480
    ccaggccggc ttgccacacc ccccaccctt aggacttatt cccgctgact gagtctctga540
    ggggctacca ggaaagcgcc tccaacccta gcaaaagtgc aagatgggga gtgagaggct600
35  gggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaga aagctacaga agaaactggg660
    gctcctccag ggtggcagca acaataaata gacacgcacg gcagccacaa aaaaaaaaaa720
    aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 745

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 843 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:26:

10

```

gtcacacatt ccaggacca aatccgtaaa caciaagcat gtccgtcagt gccagcacct 60
ccccccggct agtcaagcag ctgtcccaga gggcaaagg tctctgcagc catctgcttt120
catcagggct gcagccccca ggcagcagta ctgggagccc ctctcatctc cgagaataaa180
15 ctctgaagcc agcgaccctg cggacctgaa tcatcaggga gcctgtcaga ggaggggcag240
tgactctgcg ggacaagcaa gcaggctata taagtttcag aaggctgggc tccactcaga300
tcttttccag cagctgctgc ctgccagaga ggcgccttca gagaccagc gcttacacaa360
taccaccat gtcccaggct ggtgctcagg aagcccctat caagaagaag cgccccctg420
tgaaggagga ggacctgaag ggggcccag gaaacctgac caagaaccag gaaatcaagt480
20 ccaagacctt ccaggctcatg cgagagtgtg agcaagctgg ctcgcccgcc ccgtcggtgt540
tcagccgcac ccgcacaggt accgagactg tctttgagaa gcccacagcc ggaccaccca600
agagtgtctt cggtgagaa gtgtgcgcca ctccccttgc tgcccgaatg ctcggaaaca660
ggagccttac ccaggaactc ttttttatgc cagaacgctt cctctcccct gctgtctctg720
gggctgccac cctccccac agtccaggcc cttcagccaa gggctetgca ccagcacctt780
25 ggaagcacca ataaagagga tgcccacgtg gcccagcaa aaaaaaaaaa aaaaagtcg840
agc 843

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1217 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 35 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27:

```

aacatattgt tgaaaggtaa tttgagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaaat gttggtcatt ttatgttaag 120
ggaagaattc cagggatagg ccatggagtg tacaagtagt tgggcagatt ttcagcaaac 180
tcttttccca ctgtttaagg agttagtggg ttactgccat tcacttcata atccagtagg 240
5 atccagtgat ccttacaagt tagaaaacat aatcttctgc cttctcatga tccaactaat 300
gccttactct tcttgaaatt ttaacctatg atattttctg tgccatgaata tttgttatgt 360
agataacaag acctcagtcg cttcctgttt ttcacatttt ccttttcaaa taggggtctaa 420
ctcagcaact cgcttttagt cagcagcctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac 480
ctagttttcc atgcgtgttt ctgactctga gctacagagt ctgggtgaagc tcacttctgg 540
10 gcttcactct gcaacatctt tatccgtagt gggtagtggt gacactagcc caatgaaatg 600
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtgggctg gcagtcctgg aagccagctt 660
tccctgcctc tcatcaactg aatgagggtc gcatgtctat tcagcttcgt ttattttcaa 720
gaataatcac gctttcctga atccaaacta atccatcacc ggggtggttt agtgggtcaa 780
cattgtgttc ccatttcagc tgatcagtg gctccaagg aggggctgta aaatggaggc 840
15 cattgtgtga gcctatcaga gttgctgcaa acctgacccc tgctcagtaa agcacttgca 900
accgtctgtt atgctgtgac acatggcccc tccccctgcc aggagctttg gacctaatcc 960
aagcatccct ttgccagaa agaagatggg ggaggaggca gtaataaaaa gattgaagta 1020
ttttgctgga ataagttcaa attcttctga actcaaactg aggaatttca cctgtaaacc 1080
tgagtcgtac agaaagctgc ctggtatata caaaagcttt ttattcctcc tgctcatatt 1140
20 gtgattctgc ctttggggga ctttttctta aaccttcag ttatggattt ttttttttca 1200
taacacttaa ttgggaa 1217

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 977 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:28:

```

gagaattccc gccatccacg tcttcaaaac caaaccaacc ggtcccggcg tgctttgcca 60
50 tcctgccgta caaaagcatg gcggcgctca gggccccgcc ctgatcccaa gatgcaccgg 120
ggagtaggtc cggcctttcg ggtggtcagg aagatggcgg cctctggggc ggagcgagg 180
tcctgttaca atacttggtg ttacgaaagg atctatcaca agctccgttc tcctggccgg 240
cgggcgctact ggtagcgag gcttgtcacg cggccaccgc ggccttgac actcaccgcg 300
accacccgca cacagccgct tacctccaag agctggggcg catgcgcaaa gtggtcctcg 360
55 agggcccaga tgagaccacc ctaaaggagc tggccgagac cctgcaacag aagaacattg 420
accacatgct gtggcttgag caaccagaga atatcgccac ttgtattgct ctccggccct 480
accccaaggga agaagtgggc cagtatttga agaagtccg attgttcaag taactgctgc 540

```

5 tttgatgtgtc ttgaatacgc aggccaccca ttccaaagca tcatgtgttc cttgcagtgt 600
 cagcttgctc ccgctcttca gttgtgacaa tttcttgagg gttaagcaca tggtcatatt 660
 aaagtgttca ttaataacta ctctctctta ttaataagtt caagtgggga aggtgggaga 720
 gcagtattgt ctggggatca ttgctcaaat agaagatttg gttagactct cctgtggggc 780
 tcaaggaaac tcccttccag tcaactcggg ttgaaacttt gcttttgaat tccttcttac 840
 tcacatccag ttatcatatt tcattgaatc taagataaca tcaactttaa gatgcggtag 900
 tatttcattgt attgttaaaa aatatgccgg caaattaaac acttgatttc caataacaaa 960
 gatgttaaaa tatcaaa 977

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 556 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29:

35

40 gggacccgca aggacccggg accgccgctc ctgcgcgct cggactcccg ccccgctgcg 60
 aaccggctcg tgcgccctc gccgcgctcg ccctggcccg ggagcgccgg gacgggggcc 120
 gctttctctg tccttgtaaa tggttatctt ttaactcttc ccagtgcgaa ctctgctgtg 180
 agtgtgtgcg gggaggcgcg cccgcgctga gtcggcgcg ggtagccact ccattgccct 240
 gtccgatggt ttgcaactcc gattttgcac accgctccac cgtgcccccc agcgcacacc 300
 cattcacact caccgcaaca ctctcgctga acacttttat aattgttagg cgtggccgtt 360
 gggacttttg ggcgagcgcg gctgctactg cgtctggagg attgatattt atttttgc 420
 tgcgatggct gaaggcattt atttaacgat ctttttacct ggatatgtct gtgaggctcc 480
 tgaaaggaga caaataaagt caatatattt gcacagtgca aaaaaaaaaa agaaagaaaa 540
 45 gagaagggttc gagaaa 556

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2169 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:31:

```

20 caaactgttc gcaagggcag cagctggcga ctttctccag tgactgggaa atccaggaag 60
   acagtaggct catgtgctcc tcggtgcaga aggccttggt tgaggaggag gaccacgtca 120
   agaaactgca gcagaaagtg gccaccctgg agaagcgcaa ccggcagctc cgggagcgag 180
   tgaagaaggt caagaggtcc ttgcggcagg cgcgtaagaa gggccgccac ctggagctgg 240
   cgaaccagaa actcagttag aagctggcgg. cgggcgcgct gccgcacatc aacgcccggg 300
   ggccccgtgcg cccccctac ctgcgggggt aacgggcctg ggggctgcc ggtgtgcagg 360
25 gccaatcctg gcgtaattg agaatgagt aggttcgta catgcagcta tttcaagggt 420
   tgtaagagt tttgtttta atcacgcatt tggtagagtc taaatggata aaatgcaagg 480
   cttgctttcc ccttgggtgc tggcctcaat gtcagacccc acgcgtgcc ccttcttggc 540
   ctgacccag acgcagtgc tggcagcca gaggcagtgg gatccctgag tgctgaatgc 600
   tcgcctgcag agcagcccag aaagagccct gactggggag agaacatttt agaatctcta 660
30 gtgtaaaaga catcaacgtg cttagccttt atttcagaaa aaaatcaggg tggttcccag 720
   ctccccagtc caggacaacc attagtctctg atgagtgagc tgacgctggt gctggaacct 780
   gctggcacct cactggccac atctttggaa ggggatggtg gccttgcatc caagatgcct 840
   gaaaatcagc acgtgcaggg cctccctatc cagccagcat tttccttcca gctgaggcag 900
   gtgaagact cataagctca tcacagggga gggaattagg agcagggcag caggtaatta 960
35 aacaagataa attatacctg atttccaaca ccagctacaa agagttgaag atgataccta 1020
   tgggtcgcgt taacacaggg ggcaactgcc ttgatcggcc tgccatgggt catcagactg 1080
   cttcctaaat tgagagaaac tgagcaatct ctcagccact gctatagtct aacttcttgt 1140
   ttgctgagta attgtttcta atgtctctga actcaaagt aggtgctcca agacgctgtg 1200
   aacttctgca aagacacctc cttacctact gggatcacgt gacctgacct cactccagcl 1260
40 caggtcccca aagggctcat tccagccatt ccaatctctt cttctttatg caaacacttt 1320
   tccccacaa caagccttgt ttgttccgat aggaatacgt gtacgtcagt gcacttgtcc 1380
   ttacgtcagt tccttacacc accaaagcac ttcaccttc tggaaataaa acttttaaga 1440
   cactactata agtaaaaatg agagtattca ctagacttat tgctcaggca catttgagt 1500
   ggtcccagct gtgtgattaa gaagtcaact ggggtggcctt ttctgggtta tcttctgat 1560
45 atggcctttc aacccaacaa gggcccttcc ctgctcttcc accagtaaa gctcctggcc 1620
   tctcatcagg atctgcccc cagagacccc cccagacact gcagggcctg gtgatgctgt 1680
   cctctgtacc ggaaatggca ggcactgtca gatttccact cttctgcctt taggaaggct 1740
   ggggtgcttc tgctctgaca gccagtctgg ggagatgact cttacgttgc ttgagtctt 1800
   gtggcaggct gctgtccacg ggggagaagt ctctgctctg gactggacag aagagagact 1860
50 tttaccctgg ggcactcaca cggccaagct tctgccacca cttcattagc tgtattctcc 1920
   atagtatggt gaaatagcag gtgcgtcttc tagtttatc ctctgggga catttcctca 1980
   aagcagtttt gcgccccgc aagggaaatg tcagcctaag ggtaatgtac agcccgtgct 2040
   tggagaacca tggaagctac acccctacag gtgcatactg ttctgctttt ccaataaata 2100
   cgagcggcga tttcaaccac aaaaaaaaa aaaaaaagcg gccgaagtta ttcctttgta 2160
55 gggatttta

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 595 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library -

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:33:

aatcaatcga attagacaga tgtttaagtt ttctaattct gtggactatt acccagcacc 60
 tcagcctggg tgttgagtta gcatcctctg agacactctc tctgtgtcct aaagccctgt120
 gagtgtgcac tcagtcaggg ctcccttgcta ctgtccctca ccctgggtgct cctgacttct180
 aaaagtcttg aggggaagaac tgagagtaaa tttgggtag tagaaaataa atgcagggttc240
 ttgagtagaa atcattgtga gggagcagtg tattgtagaa tgttatgaca atcaatttat300
 caataaataa gtaatagggt gttggcactg tgcaaatgta actcctcaga gtagcaggga360
 aaagagaaaa cagtaacaga tctgcagacc cctgtagggt atagttgcaa cccagagaca420
 gaggtcccct tgatatggct cctaggagac aaaatttatt taaaatggga aatggggaat480
 ctgttgagag ggtagggggt gggatatatt gcactttggg aaggcacccc tgtatgccac540
 cttttttttt tttttttcca gtgaaaacac agggcctcct tgtgaacgca gagtt 595

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1089 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:34:

```

cggacggtgg gacggacgcg tggggttcta gatcgcgagc ggcacccctt tttcccgccc 60
ccagattgat aagtaatgaa agtgcactgc agtgagggtc aaaggagagt caacatatgt 120
gattgttcca taataaactt ctggtgtgat actttcatct tgtaaactctg ctttcttttg 180
10 ggaagatatt gagatattta aatcatggcc caccttacctt aaaataggag attctgttca 240
tctcatatct agtatttaatt agaaaaataa ctacataaaa agaaggaagc taagaaggca 300
ctcactcagc cataaattct ctaaaccctc tctaccttgg aatccgtgaa tggaatctgg 360
tatgtttttt gcaggatttt cctattgtaa attgtggcaa atacagggct cccttcattt 420
15 gcttttcatc tcttatgcat caaagtcaaa aacatttctg tatcaagata atctagaaga 480
gaaaaaagga ggaaaaggaa aagagaaagc agaagggaca aataaaagca attggcaaaa 540
actgtcaata atagttttata cacttaacta tatcaataat cacattatat gtaaatagtc 600
taaacaatcc aattattttt tacttctact tatgttatat ttttacttct acatttggtta 660
aaggttccac gctacatttt tactattctt gctttaaata attttaataa tttcttttaa 720
20 agtttagata ataagaaaat atcccgggcc aggcacagtg gccacacctg taatctcagt 780
agccatgacc ataccaatgc actccagcct gtgaaacaga gtgagactct gtctctacag 840
aaaaataaaa aagaaaagaa agaaaagatc tcatatatat acccatgtaa ttttcatttc 900
ctgttttctt cattcttctt tccatctggt gtcacttcct ttctgcctga cgacttcctt 960
taacgttttt tatagttcag gtctgcagga ttctttaagt tttgtatgct tgtttttatt 1020
25 cttgaaagat attttcactg tatattgaat cccaagttgc cacgtttctt ttaattattt 1080
gaaggtagc 1089

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2510 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:35:

```

55 cagagtga aa ccttgtgcct ggtgacaaaa gtccctccaa agtgctcttc cttctgggtt 60

```

```

attcaagcca aatatctggg tttccccctc tcttcattcc ctagcaaacc ccaattatct 120
tccaagatag gagatatttc ccatccccct cctttgtaaa tatctcatct cccactggag 180
agcccaggag cctattcctg gcatggatgt tctgtccaca cttgaggctg ggcggtgtat 240
cagacccttc aagcagcctg gctggggccc aggactgagt ctggggtcag ctttcacggt 300
5 cgcttttccc ttcgtcacca cccaccacag cccacctgc tcatgccaga aagctggtaa 420
ctccagcctg agccatgtgt gcccctgcgg gaggaacct tcatgacttt ttcaaggcga 480
ctcccccca gcatccctgc ggaaggagtc agtttctgag agtgtgactt tgcaccagag 540
atgatgggga aggggtcccc agtccccaca gtggccccac ctctggggccc tgcaccagag 600
cccttctgtg tcacggcggg ctgtgcaccc atgcacacac ctacgcacac acaacactcc 660
10 gcaactgcagt atattcttgc caaagatttc ctttaaaagc aagcactttt actaattatt 720
attttgtaaa tgtttatctt cttctgtctt ctcctccctt gaattctatt tactgttgtt 780
tattgttgaa tctgtgtgtc agccaggaga gcgctgtctg gccttgaaca tgggtgtgga 840
tgggaaaggg tctgggagaa gatgggcaac aaagagccag ggagtcagtg acatcgagc 900
gacgcagacc ccagcaggtt cagtcccgtg ctgccaccag ctgtccagct ggggtgtctg 960
15 agggaagagg gcagaggagg gtcatgtccc ttcagctggg ggagggggccc agtgagctcc 1020
acgtggcttt ttcccaaagg gagcaagagg gaaggattgg gcgagaaaac aatggagagg 1080
ggacctgcga aggaaaacag ggaggaagtg agcggtttga tcagcctgct atcacggtgt 1140
tctggctctc ttatttagcc aggcgcttaa gggacagata catcacatcc taagtttggg 1200
aaaggccttt gacccatgtc atctgagcgt ctctccagct agctctgaaa gctgtggaca 1260
20 ccaatggcca ggattccttc tcccctggtt tttgaggatc cctgggtctt ctgagactgg 1320
ccaggagagg gatggtgggg ccagtgggtg tgtgaaagca ggaggggagc ccctcctgga 1380
caagtgtgat cccctataaa acggctctca ggaggttagt gagtaggaga ttctgccttg 1440
ttctgatgag cctgtgcagg ggctccaggg gagcatgctg tccagggggc acagaagggt 1500
ggtgagtggt atcaaatcta gtctcactcc cactttttag tctcactcct acttttgtcc 1560
25 accacccctg cctcctggat cttctccac tttttttt agcttttagga cctggggaga 1620
tcctgtgagt caaggcagac acccaatcct gccccacac tcgggggtcct ccaagagggt 1680
ggggggcaga gtcccagagc agccctttac cccagggtcca ggccctgga tccctgagact 1740
cgcgtttctt tggccagtgg taacacagga cgtgtgtgca catgtgcaag tgtggatgta 1800
tgtgtgtgca tgtgttttgc tcatttcttt agggaaactg ggagtcgggg ttggaggtgc 1860
30 tgggcaatga aacttcaaat tcaatgtcgc ccagcagtga ggggagtcgg gaggtgaggc 1920
ctgtaggcca accaattggt ggagtctcag cgatagccca ggtgagaagt ggttcacca 1980
gaggggcagg gtgggggctt cgggcagatc tgtccctctt ggccctctg tccctcaa 2040
tccaaaatgt tggaggacct ctgttcatat cccacgcctg ggctcttgc agcagtgg 2100
ttactgtaga gggatgtccc aagcttgttt tccaatcagt gtttaagctg ttgaaact 2160
35 cctgtgtctg tgttttgttt gtgcgtgtgt gtgagagcac atcagtgtgt gcaggctgtg 2220
tttccccatt tctctcctcc cttcagaccc atcattgaga acaaagttaa gaaatccct 2280
cccaccaccc tccctgcctc ccaggccctc tgcgggggaa acaagatcac ccagcatc 2340
tccccacccc agctgtgtat ttatatagat ggaaatatac tttatatatt gtatcatc 2400
gcctatagcc gctgccaccg tgtataaatc ctgggtgtat ctccttatcc tggacatg 2460
40 tgtattgtac actgacgcgt cccactcct gtacagctgc tttgtttctt tgcaatgc 2510
tgtatggctt tataaatgat aaagttaaag aaaactcaga aaaaaaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2058 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:36:

```

10 atgctctgga ggatgagggg tgggcagcag cggcccccag ccccggtca gcccgcagca 60
   tgggcagcca caccacacgg gacagcagct ccctctccag ctgcactcag gcatcctgga 120
   ggagcgcagc ctgccttccg ggggccggac agggcccggg ctgctgtctc aagacagcca 180
   gacaaggagt tctccttcat aatccgtgtg tgaggcggac agtgggtggc caccgggagc 240
   tcttggctgc atcttctccc tgcctccacc ccactatgac ctttgaccct acggcgcagg 300
15 ggcagccagg acccttgatt cagaccatgg accctggacc ttgtagatga gggacactgg 360
   cctggccctc gggctctcgg aggacgtagg gggctggcat ggggtccgac tggctgcctg 420
   acttcatcat gctccctgca cttaggctgc gtgggacaag ggctgtgttg tcacagcagg 480
   aatagggttt cctctgttgg cctccctttc ctccaccctg gcctcaaagt gatgccagat 540
   gccaacccca gttctggcca cgtacagcca ggggtcagc ccagaggcag cctcagctcc 600
20 agggctaagg actctcggct cccattttct ctgctggcgt ttctgctgtg cccagcagtg 660
   gctgctgggg aagcagctgc agcaggagg agacggtctt gcctctcagc ccctccctgc 720
   ccaccccccag ctctgcccct ggaaatctgg agcccttgg agctgagctg gacggggggc 780
   cagctgcgag catgtgcaact aaacgcagcc cttccaggg gaagagaaca ggatggagaa 840
   tggaaggaaa gccccccagg cttcgtgaat tgcaagaagg gacccttcca ggatgacact 900
25 aggaacaggg ctagggcact cgctcagtc ctaggggctt gtttgttctt tattattgtg 960
   tttaaatcct tatagagcaa tatcaggatg gtgttaatag gtctgcctca gaatgagaat 1020
   caatcccttt agaaaacctt tatactaagc ctctcttca aaattcacag tggcgatttag 1080
   cggactggag tctggtggcg attagcggac tggagtcttg ggacatccgt ggcaaagacal 1140
   ccagctcaac tttagtgtt cccaacttta tttagaatga catggggttg gtgtctggtg 1200
30 tgtgtgtttt ccctacgcac ctcccatagc tattaacaac tgaggaaggc cagtgcagaa 1260
   tatttttggg gaacgatttt ttttttaaat aatatatcat tcctatgggg ggaaagcctt 1320
   ttttttctt ttggctgagt tattccctcc ctccctcaa taccctcagt actgactact 1380
   tccctttctt ttctcaggcc tccccccacc gacttttgag gccagggttg gccagattta 1440
   gcaaaaccaa aacagagtgc tgagttaaac gcaaatttca ggtaaacaaa agataatttt 1500
35 ctagcattaa tatgccccac gcaatatttg gaacacttat gtgaaaaatg atttgttttt 1560
   ctgaaattca cgtttctctc tgagctctgt aactgtcccc gaggggattg agcagaagct 1620
   cgggtatgag ccctgaggtt gactgccggt tatttttctg tcctgggaac agcctgacct 1680
   acctccctgt ctccatgtag ccagtggagg gagggggaga cacagaacca accacagcca 1740
   ggggcgtccc catggcgact gtggcccgcc ccctcctctc ttgctgact ctctctctt 1800
40 gcctgactct agacactaac ttagttccag gttcgtgccc ctgttggtgc tcctgtttcc 1860
   aatagcttag gtcccatggt gggggaggaa cctcaggggc tatgcagccc ccgccagctg 1920
   ccctcgaatc ccgtccaggc caattccaga ttctaaactg atttttttca tgatattgtc 1980
   aaaacagtga ggaaacatta aaaaaaaaag ccctaaagca aaaaaaaaaa aggaagagga 2040
   aaaggaaaaa aaagaagc
2058

```

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 2073 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:37:

```

15 taaatttcca aatgttcact cgaggatctt agaaaccaac catacagacg agccgatgcg 60
   gtgaggagaa gcgtcaggcg gcgctttgat gatcagaact tgcgttctgt taatgggtgcc 120
   gaaataacaa tgtgaacctg agactggcct gcatgaatac aggggtgtgcg tgaatgaaac 180
   tgcccacatg aactttatgt gctacgattt aactgcagcc ttgaacacac acaaaaatat 240
   tcttaagggc tcagatttag caaacacaga agaattttta aatgagctct cctttcaacc 300
20 cttgttaaca agtgcctaaa aatggaagta cctgttcaga ttaatcaaag caataggatt 360
   tgatttgatt aggtatcttt ttacaccagt atgttatttt taaccaaagt gtaaagtctt 420
   tattaacctc attacctgcc attgtgattg tcccatcatg gccacactgg ttctctgatg 480
   ttgtaataaa catcaatgca tctgctgtgg gtcttttgcg gagatgtctt cgaaggaatt 540
   ttgttttagc catatccatc aactttgtat ttactttgca atttggaaga aggaaagtca 600
25 catgatgaaa ctctttttgt ctataaccag gccctggcaa agtgcacaaa ggatgcaact 660
   gcagtggcac aaaggctcact caatcctttg ttccagttt cacattctac tacttctgtg 720
   ctagagaacg atgctctgtg agaggcattc actagtatga atgtggggat atagtgtata 780
   agacttattt gcagtactgt gttcttcagc tagaggcagc tttttaataa atgcaagtgt 840
   atttattagc attaaaatta acatctcagt aatcagcatt agcatttctg aggaccatta 900
30 ttaattctga gaacagaaat tgggtgcctt caaggaagtt tactagctct atcaacaagc 960
   attcaagggt acatctgcta gcagagtagt gttaggaacc tggccttact ctctctgac1020
   aatcgcaatt ttttcttatt ttttataaat tcaagaagat acacttggca tcgtgtatcg1080
   aggctaagtt tttcatgcat ttcccagact acttatggag aattgcagtt taagtgtctg1140
   aaaagtatta acatggtatt aagcttaaat aatacgtaat gggactagat ggccactaa1200
35 gccactgtta ttttcttccc tctctggcag ggcacttgat ccattccaaa gtcaaaaact1260
   ggactgaagc taaatttgta cttttcataa tatacttct gcttctggct tatcttcttg1320
   gtacatcaat atattaattg taaagtttat tgtatagtat ttaaccgctg aagttcctat1380
   tttatgttgt gcttatgtga accccttggg gaaggtccct tttccttggg tgtgtagtt1440
   tatgatcttt ttaaatgtac agatattttg ctataaaaac ggtgcagttt tttatggttt1500
40 ttacacttct ctttaattcc cacctaagcc tctgggtaat attgtaataa ttgttttaaa1560
   atgcatcagc ctatgctata caatctgaat gttattttta cttatagttt ttttaatat1620
   atatatatta ctataaggac agtttaggga acaagttacc taccacattt cacttttagt1680
   tacctattta cagaaagatt aaactgccac ctgcgggcac attcccataa atgtgtactt1740
   tactttaaaa agaacatgcc acgattttgt ctttctgtgg actcaacatt cacttcgatt1800
45 aaaaatagca atttgaccaa gttggacttc cactacaaag cagctgtttt ccaaagttca1860
   atgctgacat atatgtatat taaaataatt gcctattttat taatctacaa atagacaacg1920
   ttggcatgtt cttttctgtt tgtctattaa tgggcctgct tcttagcaat attagaatgt1980
   tttataaaag caattcatgt tacttttctg gtcttttcat ggcataatgag caaataataa2040
   actattttaca ctactaaaaa gaaaagagaa gaa 2073
50

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRang: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:38:

20 tttcccttct tttccagga tttgcctgta agcattcaaa ttgttttgaa tttcattttg 60
ccttctctaa gtagaggta tttaatgact gaagactggc aggagagaaa gtatcaacaal20
actgagtaaa ctattcttga ggggcactga aaaggatgtt ctttgaaact tgatttatat180
atctttactt gcaaaaggat atactgtgtt ttgagtatga aagtgtgatg ggtctgttgt240
ggggaccatg actgatgcca taattgcac 269

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1491 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:40:

50

aggtgagtga ggcggaaact gaggcacgga gtggggaagg agcgttggtt tcttaaagaa 60
acagcacctc ccccgctgt gcgtttcggt ttgaagccgc tctaataccc cttcctgtgt 120
gctctccttt ccagacacgg cttacctgga tggggtgtcg ttgcccgact tcgagctgct 180

```

cagtgaacct gaggatgaac acttgtgtgc caacctgatg cagctgctgc aggagagcct 240
ggcccaggcg cgctgggct ctgcagcccc tgcgcgcctg ctgatgccta gccagttggg 300
aagccagggtg ggcaaagaac tactgcgcct ggccacagc gagccgtgcg gcctgcgggg 360
ggcgctgctg gacgtctgcg tggagcaggg caagagctgc cacagcgtgg gccagctggc 420
5 actcgacccc agcctgggtgc ccaccttcca gctgacctc gtgctgcgcc tggactcacg 480
actctggccc aagatccagg ggctgtttag ctccgccaac tctcccttcc tccctggctt 540
cagccagctc ctgacgctga gcaactggctt ccgagtcac aagaagaagc tgtacagctc 600
ggaacagctg ctcatgagg agtgttgaac ttcaacctga gggggccgac agtgccctcc 660
aagacagaga cgactgaact tttggggtgg agactagagg caggagctga gggactgatt 720
10 cctgtggttg gaaaactgag gcagccacct aaggtggagg tgggggaata gtgtttcca 780
ggaagctcat tgagttgtgt gcgggtgggt gtgcattggg gacacatacc ctcagtact 840
gtagcatgaa acaaaggctt aggggccaac aaggcttcca gctggatgtg tgtgtagcat 900
gtaccttatt atttttgtta ctgacagtta acagtgggtg gacatccaga gacgagctgg 960
gctgctcccg ccccgagctg gcccagggtg aagggaagg tgtatcttac tgggtctgaag 1020
15 cggagggagg ggggaggtcg gaggtcgtgg aggtgggtt tctgtttt ctgatcggag catcactact 1140
ggaccaagtg tgtttggtgt ttgtttgtta tctgtttt ctgatcggag catcactact 1200
gacctgttgt aggcagctat cttacagacg catgaatgta agagtaggaa ggggtgggtg 1260
tcagggatca cttgggatct ttgacacttg aaaaattaca cctggcagct gcgtttaagc 1320
cttcccccat cgtgtactgc agagttgagc tggcagggga ggggctgaga ggggtggggc 1380
20 tggaaacctt ccccgaggag agtgccatct ggggtcttcca tctagaactg tttacatgaa 1440
gataagatac tcaactgttca tgaatacact tgatgttcaa gtattaagac ctatgcaata 1491
ttttttactt ttctaataaa catgtttgtt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:41:

```

50 cccggggccct ccccggtgcca aggtgaaaac ccccggaagg caagggaacc accggggggt 60
cccttgttcc cttttggagg gtggtggggg atattttgtt ttggtttttc tgcaggttcc 120
atgaaaacag cccttttcca agccattgtt ttctgtcatg gtttccatct gtcctgagca 180
agtcattcct ttgttattta gcatttcgaa catctcggcc attcaaagcc cccatgttct 240
ctgcaactgtt tggccagcat aacctctagc atcgattcaa agcagagttt taacctgacg 300
55 gcatggaatg tataaatgag ggtgggtcct tctgcagata ctctaatac tacattgctt 360
tttctataaa actaccata agcctttaac ctttaaagaa aaatgaaaaa ggtagtggt 420
tgggggcccg gggaggactg accgcttcat aagccagtag gtctgagctg agtatgtttc 480

```

```

aataaacctt ttgatatttc tcaaggccct agtctctgct gtctcccctc cccaccccat 540
ccttgcaaaag cactggggaa agtaaggcca atctggccct ccctgtgtga cccgccttcg 600
agttttcctt aacagttagt acatttcctt gtgttaccac gcatggggaa gaaaacgcat 660
ggccccagaa tgccaccccc acctgacctc cccggaagca cccgcctct gccagagca 720
5 tgtgcttgct tctagagaat cccgttcag tcattgctg gacagaaaac gtaagagtcc 780
tggggagggtg tgggagggaa tgaagctagg acctgggtg ggggtgggg cggttgcag 840
cggaccgggt attctgaaaa gaaagaaatc ttcaaacacc tcggtcctgt cgggtgaaaa 900
aacgacagca ttacacattc tcgtgccagg aaatgggtac tcacccccgc tctctggagt 960
cctttggagc tttctgatac cattcacacg atggagcaat tcacacgttc gttttctaag1020
10 tcttttattg tccaagcata taaggtagc acagcacaaa tggctgccat ggaaagtcgt1080
gcttccccag cataagaaca gagccatctt tgagccatgg gaagcctcat ttaatgagac1140
ctttttcccc ccttttaaat ctgatatgtt atcgcaacta gggttttgtt ttattttggc1200
tcttaagggt gagagtgggc tgaacgcctt cataatgggg gcggaggcgg gagtgaagg1260
agaagggaga gaggctgtct ttttctaata actacacctg aaaagtatca agagacatct1320
15 ttgccaagag actgtagcag ccagctgcc cccgtggagc aaggtttaaa gacaaaatta1380
aatggcacct ctgtttaaga tctgcgtgtg taaacaagac tcgtttgggg aaaacgacct1440
gggaggagag catctgtgat caaaatctct cattgtaagc acaaattgtt ccgtgtctgg1500
ttattaaaat cgctttgggt ctataacagc cactctgtc cccctttta atagaaaatt1560
gtcattctag cctggatttc tccccactgg aggtggaggg tgggaagaga agggagtcag1620
20 ctctgacagc ttacaaactg ggaagttctg tgcatctcca gggattccag agttgaagat1680
ctggttggtg gaagctgggc gccagtgct ttttttttg tgggtttttt ggcccaaagg1740
cggtagaggc ccgctgaaaa aggggaacgc ggggggtggg cgggggttggc 1790

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 512 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42:

```

50 acgtgatctg cacgggcgca gatgtaggca ccggtccgag tgccctgccct ctgtccccgc 60
ggctgggtct cgtctgctcc ggttcctggg ctccctaattc ttggtccagc ttcttccagg120
tctgcgcgtc tgttggtccc agcgctctgc gaagctgaaa aggaggagca acctgtccag180
aatccccgca ggacaggaaa aggaggggaa atctcgacat ggaaaaactc tacagtgaag240
atgaaggaat ggcttcaaac caaggaaaga tggaaaatga agaacagcca caagacgaga300
55 gaaagccaga agtaacttgt actctggaag acaagaagtt agaaaacgag ggaaagacag360
aaaacaaggc caaaacagga gatgaggaaa tggttaaagga taaaggaaa ccagagagt420
agggagaggc aaaagaagga aagtcagaga gggagggaga gtcagagatg gaggaggtcg480

```

agagagagggc aacccgaggt aggggaagcg ga

512

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1678 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:43:

```

30  ggccctatag tgagtcgtat gcggtgaagg tatgcttggc cggggggagt gagggcttcc 60
    taccacagat gctttatctt cccaaacact acaaaaaaac ttttaaaact ttgccatttc 120
    atctgggttac actctttgcc actgattagc agtattttaa tcttgcaaga atattttgtg 180
    ctttcttttag aaacacaaga gtatagattt ttctcactga aaagtggagag ttacgcattg 240
    cagccatgaa gggatgctag gatcaattat ggcagtagct tttttcccct cctgttcttg 300
    agccagttgt ctcttttgtt ttgggtccca cttaggatta atggatgtaa ggtattttcc 360
35  tgtgccttta ttttgtgtca ttctattgga aggaggtgta acggcagaat agcatcgtgt 420
    tgggggtttt ccttcaaaca ctgcaagtga tattgccacc atgtgaacct caaatatgca 480
    atccagttgt gttggtttct cggtgacttg gagtgttcat ctcttcatga attgtgagca 540
    ctgaccatgt tcttcagttc ttaattatgg tgagttgaca aataccaact actgcttttc 600
    tttaggtggc tataaatttc ttactgtcag gaggaatga cattatattc tgttccactg 660
40  aacgtcagag atcagcaggc actgtactgg gtagagaagt gcctatactt ctctacctaa 720
    gagggcagga gggaaaccct acagctcctt gtgagcctat atattagtat atcggcctgg 780
    agaggacaag ggaataagac cactcatagt gaggctggcc aagctgcact ggtcggacca 840
    ggcagtggct gacctaagga agacaacttg ctttgcttaa aagtagattt ttttaagcaat 900
    gcttaacaca ggcagcattc acctttgttc aggccatcga catgtattgt taaaattact 960
45  gcatatcccc ctgagatctc aagtatacac tgttcatgtt acgcacgcat gtgtcccaaa 1020
    tcttgtttta attttttttt tctgaatgtg atcatgtttt ggatgatacc tgagcagggt 1080
    tgcccttttt ttatttatta ccattatata ttatattata ttatatattt tttgctttct 1140
    tataactttg gaggaagtc aaatcttggc attattaaaa ttgtttttaa aaggagtaaa 1200
    ttttccagtt gataaatgaa aatcactggc ctatgtttta taagtttttc ttttaattact 1260
50  gtggaataac gtgccagcta tcatcaacac aatgattttg tacatagggt aggggaagcag 1320
    tgatgtcttc aatgggaaga tgtgcaacac aaattaaggg gaactccatg tattttacct 1380
    acttcagcaa tggaaactgca acttggggct ttgtgaataa aatttagctg ccttgtagat 1440
    tcgtttgaaa gaatatgtga tctgtgagag aattatagtt tttttttaga agaaaaatct 1500
    gcaaaagatc tttccaaaga caatgtgccg cagatctttt gttctctgta atgaggatta 1560
55  attgctgttt aaacaaaaat gtaattgttc atctttaaat tctttccttt tcataagagg 1620
    atcaagctgt aaaaaaacia aaaaattaat aaaaatttcg agaaatcaaa aaaaaaaa 1678
  
```


2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1670 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:45:
- ```

aaactcttga aggaagctct aatgataaaa ttaggggagg gtaataaaaat agacattttg 60
aaatcatttg gaatttgaac tgttgatctt acatctggag caccatcttg attctccctt 120
tttattttcc cagacgaatt atcaataaac aactgatga gtcttttagg gactgctctt 180
tccttaatac atgtttccac atggatacct gcaagtatgt tcaactatgaa attgatgctt 240
gcatggattc tgaggcccct ggcagcaaag accacacgcc aagccaggag cttgtcttta 300
cacagagtgt cggagggtgat tccagtgcag accgactctt cccacctcag tggatctggt 360
gtgatattccg ctacctggac gtcagtatct tgggcaagtt tgcagttgtg atggctgacc 420
caccctggga tattcacatg gaactgccct atgggaccct gacagatgat gagatgcgca 480
ggctcaacat acccgactta caggatgatg gctttctctt cctctgggtc acaggcaggg 540
ccatggagtgt ggggagagaa tgtctaaacc tctgggggta tgaacgggta gatgaaatta 600
tttgggtgaa gacaaatcaa ctgcaacgca tcattcggac aggccgtaca ggctactggt 660
tgaacctagg gaaggaacac tgcttggtga gcagcagtgg ggccaattc aatagggtga 720
gcacaaagaa gaatcatttg atttcttact gagaaaaagt tcaaagggtg ggtttcataa 780
ggtaattctgt tatctgtggt gagcaggttg gtgtcaaagg aaatcccca ggcttcaacc 840
aggggtctgga ttgtgatgtg atcgtagctg aggtatgtgc ttcccaggcc tccaaagctt 900
ccacattttt gttggtatca gttattcatg ttgggtgtat tctcatccca gatttttctc 960
atttagatca taaacataat agaaagggct agaattgcaa tcttggtgaa cttaaaaagc 1020
agctagtttt tatctcttag gttcgttcca ccagtcataa accagatgaa atctatggca 1080
tgattgaaaag actatctcct ggcactcgca agattgagtt atttgacga ccacacaatg 1140
tgcaacccaa ctggatcacc cttggaaacc aactggatgg gatccaccta ctagaccagc 1200
atgtgggtgc acggttcaag caaaggtagc cagatggtag catctctaaa cctaagaatt 1260
tatagaagca cttccttaca gagctaagaa tccatagcca tggctctgta agctaaacct 1320
gaagagtgat attgtacaa tagctttctt ctttatttaa ataaacattt gtattgtagt 1380
tggtgattctg aagtccattc tggctctgct acttaacagt gtataatctt gtgcaactca 1440
tctctcagta ttatatgtga aatgggagta ttacctcatt ggggttgcgt gaagggttca 1500
actaaatgag tgcattggaa acattaaaat gatcattata ggctaggcac agtggtcac 1560
acctgtaatc cgagcacttt gggaagccga ggtaggagg taactgtagc ccaggagttc 1620
aagactagac tgggcaacat agtgagaccc catctctact gctaccctcc 1670

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 881 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:47:

tttttttttt tttttttttt ttttttaagt tccttagaat attatttttc ctactgaaag 60  
 ttaccacatg cgtcgttggt tatacagtaa taggaacaag aaaaaagtca cctaagctca120  
 30 ccctcatcaa ttgtggagtt cctttatatc ccatcttctc tccaaacaca tacgcagcag180  
 tggtacagct cttttagaat ttgtctagta ggctttcttg ctttttaccg gaaagccccct240  
 cttatgatgt ttgttgccaa tgatagattg ttttctactgt gcaaaaatta tgggtagttt300  
 tgggtggtct gatgcagttg taagcttggg gtatgaaggt ttgggccacg cctgggcgct360  
 tccggctgcg ccggatgctg tttcctttcc gctcccaggg gcgttgggaa cggttgtagg420  
 35 acgtggctct ttattcgtga gttttccatt tacctccgct gaacctagag cttcagacgc480  
 cctatggcgt ccgcctcgac ccaaccggcg gccttgagcg ctgagcaagc aaaggtggtc540  
 ctgcgggagg tgatccaggc gttctccgcc ccggagaatg cagtgcgcac ggacgaggct600  
 cgggataacg cctgcaacga catgggtgtc cttaagtttg ctgccttggc caagtcctac660  
 gaagcccagg atcctgagat cgccagcctg tcaggcaagc tgaaggcgct gtttctgccg720  
 40 cccatgaccc tgccacccca tgggcctgct gctggtggca gcgtggccgc ctctgagag780  
 ttggccctcc cttgtgccac tgccagggga ggaaaggcct tgatgttcca gacaataata840  
 aatgcgcctg tgactttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaac a 881

## 45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2076 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:49:

```

15 gtggagtcgg gggacgctcc tcctcgccag gggtcccgct ccctttccct gctgggtaaa 60
 tcgcattctg tctctttaag gagtgtttgg ccgcgacgag ttggaaagcc cggatgcgtc 120
 cttcgggttg ggggggtgtc tcagtacgt cactgggggt ataaaagggc ctgggtggcg 180
 ggcgctggg cagagcgctc tagcagtgtc actgcgtggg ttggtttgtag tagagaggcg 240
 tgagcgagcc cgtgtccgg agtgcacctg ctgcctgttc tgtccctccc gggagcccc 300
20 gccgctgtcg ccgtcgagtc gccatggaag tgcagaaaga ggcacagcgc atcatgacct 360
 tgtcgggtgtg gaagatgtat cactcccgca tgcagcgcgg tggcctgcgg ctgcaccgga 420
 gtctgcagct gtcgctggtc atgcgcacgc ccgggagctc tacctctcgg ccaaggtgga 480
 ggccctcgag cccgaggtgt cgttgccggc cgcctcccc tctgacctc gcctgcacct 540
 gccccgagaa gccgagtcga cggccgagac agcgaccccc gacggtgagc acccgtttcc 600
25 ggagccaatg gacacgcagg aggcgcgac agccgaggag acctccgcct gctgtgcccc 660
 gcgccccgcc aaagtacgac gcaaacgacg cagcagcagc ctgagcgacg gcggggacgc 720
 tggactggtc ccgagcaaga aagcccgtct ggaaagaaag gaagaagagg agggagcgctc 780
 atccgaagtc gccgatcgcc tgcagcccc tccggcgcaa gggagggcgc ctttcccaac 840
 ctggcccgcg tcctgcagag gccttctcc ggctcctga actgcagccc cgcggccct 900
30 ccgacggcgc cgcgcgctg cgaggcaaa cccgcttgcc gccggcgga cagcatgctc 960
 aacgtgctcg tgcgggcccgt ggtggccttc tgaggacccc gagcggcgt gccggagccc 1020
 agagcgcgcg tcgaaccgtc ggcccgagg cgagacctg aggcgagggc acccccctcc 1080
 atcctggggg aagcgcgcgc gaaaaccgtg gagagaagcc gccgcccgg ctgctgagag 1140
 gcccgagag ggactctgtc cccggggagc catcgcttc agtgtgcagg gacggcaccg 1200
35 aggagtctga gccggggcg cgggcgcct ccgcagagac ctgcgcccac aggtgctgtc 1260
 ttagtggaact gggagctgaa ctttgcgtc tccttctgga ctgggagaag ggaggctgg 1320
 gtgtgtgtt tttgttttg tttgtgtgt ttcaagggtt ttcaagagtt ggttttgct 1440
 tcattttgta ctgtgggctg tgctggccct ttcaagggtt ttcaagagtt ggttttgct 1440
 ttccaacctc ggagaattcc aggcactccc cttccccctc cgctgacata cttgtataag 1500
40 cggtcacgtg tgcgtcatgg ggcagcgctg gggagcttcc tgcgccttg cgtgggtgtg 1560
 gggcctggga ggaggtcctg gggcgtgcac ccgcctggg cagtggggag gagagtggcc 1620
 tgagttactt caccgccggt tgcgtctggt taatgtccc cgtctctgca cttcgggtgt 1680
 ggagcgggga ctgatctact ttcacattct caagttttt tcactctgat tagaggtgcc 1740
 cagtaggttc ccaggttcca gcgtgccct ccctcagaca cacggacaca atcagccgag 1800
45 aagttcctgg tctgaatcac gagaatgtgg aggggtgggg ggtgtcagtg gaaaggcata 1860
 aggctgagct gagaccagtt gctggtgaaa ctgggccaat ctggggaggg gaacatcctt 1920
 gccaggaggt ttctgagggt ctgctttgtt tacctttcgt gcggtggatt ctttttaact 1980
 ccgtctacct ggcgttttgt tagaaatgtc agataggaaa ataaaaacca tttgagtaaa 2040
 aaaaaaaga aagtaacatt gatgactcgc tcaagt 2076
50

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:50:

20 ttctagatcg cgagcggccg ctcgatcta gaaccggca agatggcaga agtagagcag 60  
aagaagaagc ggaccttcg caagttcacc taccgcgcg tggacctcga ccagctgctg120  
gacatgtcct acgagcagct gatgcagctg facagtgcgc gccagggcgg cggctgaacc180  
ggggcctgcg gcggaagcag cactccctgc tgaagcgctt gcgcaaggcc aagaaggagg240  
cgccgcccac ggagaagccg gaagtgggta agacgcacct gcgggacatg atcatcctac300  
ccgagatggt gggcagcatg gtgggcgtct acaacggcaa gaccttcaac caggtggaga360  
25 tcaagcccga gatgatcggc cactacctgg gcgagttctc catcacctac aagcccgtaa420  
agcatgcccg gcccgccatc gggggccacc actcctcccg cttcatccct ctcaagtaata480  
ggctcagcta ataaaggcgc acatgactcc agaaaagaaa aagaaggggg ggcgcgctaa540  
aggatcga 548

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
35 (A) LÄNGE: 1177 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52:

```

aaaacttttt tttttttttt ttttacagaa ctcaggggtct atttattagg aaggagatgt 60
cagtgtcttta tcaaagatga aggggtcaca gagggaacaat gggacaaagg ccctcagctg 120
ggacatttct tggccacaat gagaacagca gaaggcacga gtcccagctc ctgcagaggc 180
5 ccttccatgt cagcttctga gaaggcccgt ctggggaagc cactgagcaa ttgcacaggg 240
tcctggcccc caccatgttc ctccccacgg tggagctcca catagagcct cacagctgcc 300
agctgttccc gggcccggaa cgtctgggtc agtgaggtcc catctggcag cctgacctgt 360
atgcgacact ggtcatactc ccgcttggtg ggaggctcct ggctgggaga agagggaaca 420
ggacctggct ctggtgccac tgggggtggc tgagagccca cactgccacc atacttcttg 480
10 gctctctctg ctctgtccct ctcgatcttt tctctaactc tttgtctggc tgctaactcc 540
tcggcctttt ccctccgcct ctctcagca gcccggcgca tctcatcttc ctgtagccgc 600
tgtcgtgctg ctgacaactc ttgcccttgt ctctgcgct gccgttcccg ttccaatgcc 660
tcccgttctt ctcttcttc acgtcccgc tgcctctggg ccaccagctc caacatcttc 720
ttagtttgtt cctgtcttct ctcttcaact aaagcgggtt tgccttctcc ggcagcagaa 780
15 ccagatcctt caaggccgcc ttgctctgag gaagtgggct cccgtcccag gatattgtcca 840
aggggagtct ctaaaggctc gtccacatcg gggctcgtct cgtgctccat cagccagctc 900
atcgcagcct cgatgccctg gtccctgtg agggccagag ccttctccgc gcgtcccctg 960
gggaagccca tctcgatgag actctcaaga gccgtcactc cgccatggcg ccgacaccgc 1020
ggcttccgcg gggacctggt gtgtgacgag aaggagggcg ggaagggtca gcgcgaggca 1080
20 acccgccctc gacaccgcc gacgggcgct cgctctctca cccggtcta tagcagccgg 1140
gaacaccgac gagaagaaag ccgaggggaa gcggaag 1177

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1116 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:53:

```

aaagactgca aaactgcctg aaatgtgttt tggcatcagc tactgacacg taaggtttcc 60
50 caatcctcaa ctctgtcctg ccagctgatg aggggaagga aagggttac ctagggttat 120
ggcgaccaa tcctgagtc accaactgac cagccccatc ccagccttg tgcctcacct 180
acccccaacc tcccagagg agcagctatt taaggggagc aggagtgcag aacaaacaag 240
acggcctggg gatacaactc tggagtcctc tgagagagcc accaaggagg agcaggggag 300
cgacggccgg ggcagaagtt gagaccaccc agcagaggag ctaggccagt ccatctgcat 360
55 ttgtcaccca agaactctta ccatgaagac cctcctactg ttggcagtga tcatgatctt 420
tggcctactg caggcccatg ggaatttggt gaatttccac agaattgatca agttgacgac 480

```

```

aggaaaggaa gccgcactca gttatggctt ctacggctgc cactgtggcg tgggtggcag 540
aggatcccc aaagatgcaa cggatcgctg ctgtgtcact catgactgtt gctacaaacg 600
tctggagaaa cgtggatgtg gcaccaaatt tctgagctac aagtttagca actcggggag 660
cagaatcacc tgtgcaaaac aggactcctg cagaagtcaa ctgtgtgagt tgataaaggc 720
5 tgctgccacc tgttttgcta gaaacaagac gacctacaat aaaaagtacc agtactattc 780
caataaacac tgcagaggga gcacccctcg ttgtgagtc ccctcttccc tggaaacctt 840
ccaccagtg ctgaatttcc ctctctcata ccctccctcc ctaccctaac caagtccctt 900
ggccatgcag aaagcatccc tcacccatcc tagaggccag gcaggagccc ttctataccc 960
accagaatg agacatccag cagatttcca gccttctact gctctcctcc acctcaactc1020
10 cgtgcttaac caaagaagct gtactccggg ggtctcttc tgaataaagc aattagcaaa1080
tcatgaaaaa gaagaaaaaa gagaaaaag agtaaa 1116

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1556 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:55:

```

tgagccagga tgagccagga gaaggaattt cacaagggag aagctcggca acgtggagtc 60
40 ggtttatgtc atcgaccctg aagatgtggc ctttctcttt aagtccgagg gccccaaccc 120
agaacgattc ctcacccgc cctgggtcgc ctatcaccag tattaccaga gaccatagg 180
agtcctgttg aagaatcgg cagcctggaa gaaagaccgg gtggccctga accaggagg 240
gatggctcca gaggccacca agaacttttt gccctgttg gatgcagtgt ctcgggactt 300
cgtcagtgtc ctgcacagg gcacaaagaa ggcgggctcc ggaaattact cgggggacat 360
45 cagtgatgac ctgttccgct ttgcctttga gtccatcact aacgtcattt ttggggagcg 420
ccaggggatg ctggaggaag tagtgaacct cgaggcccag cgattcattg atgccatcta 480
ccagatgttc cacaccagcg tccccatgct caaccttccc ccagacctgt tccgtctgtt 540
caggaccaag acctggaagg accatgtggc tgcattggac gtgattttca gtaaagctga 600
catatacacc cagaacttct actgggaatt gagacagaaa ggaagtgttc accacgatta 660
50 ccgtggcatc ctctacagac tccctgggaga cagcaagatg tccttcgagg acatcaaggc 720
caacgtcaca gagatgctgg caggaggggt ggacacgacg tccatgaccc tgcagtggca 780
cttgatgag atggcacgca acctgaaggt gcaggatatg ctgcgggcag aggtcttggc 840
tgccgggcac caggcccagg gagacatggc cacgatgcta cagctggctc ccctcctcaa 900
agccagcatc aaggagacac taagacttca ccccatctcc gtgaccctgc agagatatct 960
55 tgtaaatgac ttggttcttc gagattacat gattcctgcc aagacactgg tgcaagtggc1020
catctatgct ctgggcccag agcccacctt cttcttcgac ccggaaaatt ttgacccaac1080
ccgatggctg agcaaagaca agaacatcac ctacttccgg aacttgggct ttggctgggg1140

```

5    tgtgcggcag tgcctgggac ggcggatcgc tgagctagag atgaccatct tcctcatcaal200  
 tatgctggag aacttcagag ttgaaatcca acacctcagc gatgtgggca ccacattcaal260  
 cctcattctg atgcctgaaa agcccatctc cttcaccttc tggcccttta accaggaagc1320  
 aacccagcag tgatcagaga ggatggcctg cagccacatg ggaggaaggc ccaggggtgg1380  
 ggcccatggg gtctctgcat cttcagtcgt ctgtcccaag tcctgctcct ttctgcccag1440  
 cctgctcagc aggttgaatg gggtctcagt ggtcaccttc ctcagctcag ctggggccact1500  
 cctcttcacc caccctatgg agacaataaa cagctgaacc atgaaaaaaaa aaaaaa 1556

10    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1581 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15    (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25    (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30    (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:56:

35    cgggtccacc gttcagactt cagtactgag ggagagagaa gaggggagag aagagaggag 60  
 gaagaggatg acctgagtga gctgccaccg ctggaggaca tgggacaacc cccggcggag 120  
 gaggctgagc agcctggggc cctggcccga gagtcccttg ctgccatgga gcccagagccc 180  
 gcccagagccc cggcccagaga agagtggctg gacattctgg ggaacgggct gttgaggaag 240  
 aagacgctgg tcccagggcc gccaggttcg agccgcccgg tcaagggccca ggtggtcacc 300  
 40    gtacatctgc agacgtcgtt ggagaatggc acacgggtgc aggaggagcc ggagctggtg 360  
 ttactctctg gtgactgtga cgtcatccag gccctggatc tcagtgtccc actcatggac 420  
 gtggggggaga cggccatggt cactgctgac tccaagtact gctacggccc ccaaggcagc 480  
 aggagcccat acatcccccc gcacgcggcc ctgtgcctgg aggtgaccct gaagacggct 540  
 gtggacgggc ctgacctgga gatgctcacg gggcaggagc gcgtggccct ggccaaccgg 600  
 45    aagcgggagt gcggcaacgc ccaactaccag cgggcggact tcgtctggc cgccaactcc 660  
 tacgacctcg ccatcaaggc tatcacctcc agcgccaaag tggacatgac gttcgaggag 720  
 gaggcacagc tcctgcagtt gaaggtgaag tgtctgaaca acctggcggc ctgcgagctg 780  
 aagctcgacc actaccgcgc agcctgcgct cctgcagcct tgtgctggag caccagccag 840  
 acaacatcaa ggctctcttc cgcaagggca aggtgctggc ccagcagggg gagtacagtg 900  
 50    aggccatccc cctcctgagg gcagccctga agctggaacc ttccaacaag acgatccacg 960  
 cagagctctc aaagctggtg aagaagcatg cggcgaggag agcacggaga ccgccttgta1020  
 ccggaaaaatg ctgggcaacc ccagccggct gcctgctaag tgccctggca aggggtgcctg1080  
 gtccatccca tggaaagtggc tgtttggggc gactgctgtt gccttggggg gtgtggcact1140  
 ctctgtggtc atcgtgcca ggaactgacc acctaggtgg ctgcgacccc ctctgcacac1200  
 55    catggaccct gccctgcgct ccccaactcc cccaggctcc ctgtccactg ccctccctgg1260  
 tctggccccc tcctccgggt taggggagca aggattgggg gtcgtgcagc ccagccagca1320  
 ggagggactg aggcctcta ggaggaaagc ccagagggag ggggccccta ttccttcaga1380

```

cccagttttc cccaccctc cttaccccg cgggctaggt ctccgccagg gctggcctca1440
gtttctctc aacaggcctg ggggcagccc ttcccctgcc tagtccccgc ctgagtgccal500
gccccccacc ccgctgccc cccctgtcc aggttccctc cccgccacag tgaaataaag1560
catccacccc tgcaaaaaaa a 1581

```

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 1121 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:58:

```

actacgtcac ccgcacctac agcctgggca gcgcgctcgc ccagcaccag ccgcagcctc 60
tacgcctcgt ccccgggcg cgtgtatgcc acgcgctcct ctgccgtgcg cctgcccagc 120
35 acgtgcccgg ggtgcccgtc ctgcaggact cgggtggactt ctgcgtggcc gacgccatca 180
acaccgagtt caagaacacc cgcaccaacg agaaggtgga gctgcaggag ctgaatgacc 240
gcttcgccaa ctacatcgac aaggtgctgt tcctggagca gcagaataag atcctgctgg 300
ccgagctcga gcagctcaag ggccaaggca agtcgcgcct gggggacctc tacgaggagg 360
agatgcggga gctgcgccgg caggtggacc agctaaccac cgacaaagcc cgcgtcgagg 420
40 tggagcgaga caacctggcc gaggacatca tgcgcctccg ggagaaattg caggaggaga 480
tgcttcagag agaggaagcc gaaaacaccc tgcaatcttt cagacaggat gttgacaatg 540
cgtctctggc acgtcttgac cttgaacgca aagtggaaatc tttgcaagaa gagattgcct 600
ttttgaagaa actccacgaa gaggaaatcc aggagctgca ggctcagatt caggaacagc 660
atgtccaaat cgatgtggat gtttccaagc ctgacctcac ggctgccctg cgtgacgtac 720
45 gtcagcaata tgaaagtgtg gctgccaaga acctgcagga ggcagaagaa tggtagaata 780
ccaagtttgc tgacctctct gaggtgcca accggaacaa tgacgccctg cgcagggcaa 840
agcaggagtc cactgagtac cggagacagg tgacgtccct cacctgtgaa gtggatgccc 900
ttaaaggaa caatgagtc ctggaacgcc agatgcgtga aatggaagag aactttgccg 960
50 ttgaagctgc taactaccaa gacactattg gccccctgca ggatgagatt cagaatatga1020
aggaggaaat ggctcgtcac ttcgtgaata ccaagacctg cccaatgttt agatgggctt1080
gacattgaga ttgccactac aggaactgct tgaaacgagg a 1121

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

55



- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 620 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:59:

```

gcgtcgactt tttttttttt tttttttttg atgctcaaac acagctttta ttttacttca 60
25 aagtttacc cagatcagcc tgggaagggt aggggaatga agcagatgct gttaaaggg120
catgggagag aaaaggtatc tgtgggaaga gaataatctc ttttgacttc gtgtgctgcc180
tcacggacac actggagcag ggattgggcc cccaaggcct caggtagccc cgtgcctgtg240
gctttgctgg gtgcagccta cgtggctgct cgaatgggtt gcaggctggg gcctaaagct300
ttcccaaggg ggcgctgcat gctgccactg actccacagt tctggggctc tgggtgggtg360
30 caggctcctgc tcccagcgtc ccacaaggca ctctctcctg tggcctggat ccactagaca420
ctagacattt ccctgggtggg ggccctctgt ggcagctgca cctcacattt ccacttagca480
tcactctagt ggaggtctc tgtgggctgg gcatgctagc tcagttctct tttcctcctc540
ttataaagcc accagtccca ttctgtgca taaccatta atcccattaa ccccatgcaa600
tgcaaggcca cagccttcac 620

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1585 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:60:

```

10 ggagctgcgc acgctccact cggccggcag cggaccgcag ccaccagccg cccgcgccct 60
 ccagccccgt cccggaggtcc cggccccgt gcggtgccgt tgctgaaaag ccaggagtca 120
 aaatgactga gcgctttgac tgccaccatt gcaacgaatc tctctttggc aagaagtaca 180
 tcctgcggga ggagagcccc tactgcgtgg tgtgctttga gacctgttc gccaacacct 240
 gcgaggagtg tgggaagccc atcggtgtg actgcaagga cttgtcttac aaggaccggc 300
15 actggcatga agcctgtttc cactgctcgc agtgcaaaa ctactggtg gacaagccct 360
 ttgctgccaa ggaggaccag ctgctctgta cagactgcta ttccaacgag tactcatcca 420
 agtgccagga atgcaagaag accatcatgc caggtaccgc caagatggag tacaagggca 480
 gcagctggca tgagacctgc ttcatctgcc accgctgccg gcagccaatt ggaaccaaga 540
 gtttcatccc caaagacaat cagaatttct gtgtgccctg ctatgagaaa caacatgccg 600
20 tgcagtgcgt tcagtgcata aagcccata ccacgggagg ggtcacttac cgggagcagc 660
 cctggcacaa ggagtgtctc gtgtgcaccg cctgcaggaa gcagctgtct gggcagcgct 720
 tcacagctcg cgatgacttt gcctactgcc tgaactgctt ctgtgacttg tatgccaa 780
 agtgtgtctg gtgcaccaac cccatcagcg gacttggtgg caaaaatac atctcctttg 840
 aggaacggca gtggcataac gactgcttta actgtaagaa gtgctccctc tctactggtg 900
25 ggcgtggctt cctcacagag agggacgaca tcctgtgccc cgactgtggg aaagacatct 960
 gaattcaaca cagagaagtt gctgcttggt atctcacaca cagattttta tgttttcttt 1020
 ctacccagg caatcttgcc ttctggtttc ttccagccac attgagactt tcttctagt 1080
 cttttcagtg atactcacgt ttgcttaaac cttttagtgc tttgtgtag ttcagtccca 1140
 gggaaagaga aaactcgccc taggccctag gtgggaagat ggtttgaaat ttttgaatc 1200
30 gagtaaggca caccctaatg taaaaatcct tttgaatgat gcctttataa atcttctct 1260
 cactgtctat ttaagtcaa ttaacatat tcacgaactt gaaagttttc taaactcaat 1320
 aaggtaatga ccagttgtta tttacagctc tgtaacctcc cgttgcgta agtctaaacc 1380
 aagattatgt gacttgcaat aaagtatttc agaacagaaa attttgccag gcacagagt 1440
 tgaaatcatg attacaggtc gaggcactga gtctaagtaa cactttattg catgggtccc 1500
35 tggctactgt atgaagtgc gttccaatgt tccaatggcc tggggcattg ccaactggaa 1560
 cagcatcaca ccctttaag gaggc

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 947 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:61:

```

10 ggagacgagg ccaggtctcc agctggggtg gacgtgcccc ccagctgccg aaggcaagac 60
gccagggtccg gtggacgtga caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca 120
gaggaggcgc gtccggcctt cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg caagaagcgg 180
gtctgtttct ttacttcctc cacggagtcg gcacactatg gctgccctct gggctcccag 240
aaccacacaac atgaaagaaa tgggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac 300
acaaaaccct ctagcttgga aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac 360
15 tcaggaatcg gctctggaag gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa 420
agacaccatc ggaacagcag cgcccgagc acccaccocg caccggcgac tccatcttca 480
tgccaccccc ctgcggcgga cgggtgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct 540
cctccagcgg gatgacgccg tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tccttctgtc 600
tctttgtttc tgagctttcc tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac 660
20 tctgtttccc ccgtcccttc tgaatttaat ttgactaag tcatttgac tggttgaggt 720
tgtggagacg gccttgagtc tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt 780
gcctgtgcag ggcccggcgg ccctccatct ggggcccggg tgactggggc gccggctgt 840
gttgcccag ggcttcacc tggcccttcg gcctagtctt gggaaggttc cggaccgaac 900
attcaaggga ggcaagcctt tcaaggcatt tccattaagg ggccccca 947

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
30 (A) LÄNGE: 2559 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:62:

```

ctggaagcct ggaatccctt cctggacccc ttttgaagcc ccaggttccg gcttgtggac 60
acagggacaa gtcccttctc tcagcatgtg ccccccctcat ctgagatcga ggtctcatcc 120
cacaaccaag cccaggagaa gccaaaggat gtatcatctg ttgaactctt aatgaataat 180
55 catcaaggca tcaaagctga aattgatgca cgtaatgaca gtttcacaac ctgcattgaa 240

```

```

cttgggaaat cctgttggc gagaaaacac tatgcatctg aggagatcaa ggaaaaatta 300
ctgcagttga cggaaaaagag gaaagaaatg atcgacaagt gggaaagaccg atgggaatgg 360
ttaagactga ttctggaggt ccatcagttc tcaagagacg ccagtgrggc cgaggcctgg 420
ctgcttggac aggagccgta cctatccagc cgagagatag gccagagcgt ggacgaggtg 480
5 gagaagctca tcaagcgcca cgaggcattt gaaaagtctg cagcaacctg ggatgagagg 540
ttctctgccc tggaaaggct gactacattg gagttactgg aagtgcgcag acagcaagag 600
gaagaggaga ggaagaggcg gccgccttct cccgagccga gcacgaaggc ttcagaggaa 660
gccgagtcct agcagcagtg ggatacttca aaaggagaac aagtttccca aaacggcttg 720
ccagctgaac agggatctcc acggatggca gaaacggtgg acacaagcga aatggccaac 780
10 ggcgtacag aacaaaggac gagctctaaa gagtccagcc ccatcccctc cccgacctct 840
gatcgtaaag ccaagactgc cctcccagcc cagagtgcgg ccaccttacc agccagaacc 900
caggagacac cttcggccca gatggaaggc ttctcaatc ggaaacacga gtgggaggcc 960
cacaataaga aagcctcaag caggtcttgg cacaatgttt attgtgtcat aaataaccaal1020
gaaatgggtt tctacaaaga tgcaagact gctgcttctg gaattcccta ccacagcgag1080
15 gtccctgtga gtttgaaaga agctgtctgc gaagtggccc ttgattacaa aaagaagaaal140
cacgtattca agctaagact aaatgatggc aatgagtacc tcttccaagc caaagacgat1200
gaggaaatga acacatggat ccaggctatc tcttccgcca tctcctctga taaacacgag1260
gtgtctgcca gcacccagag cacgccagca tccagccgcg cgcagaccct ccccaccagc1320
gtcgtcacca tcaccagcga gtccagtcct ggcaagcggg aaaaggacaa agagaaagac1380
20 aaagagaagc gggtcagcct ttttggcaaa aagaaatgaa ctcttttctt tcacctctgt1440
cccttctctt accttttcag tgaaattcca gcatgcaagc tcagaaccaa cacattactcl1500
tctgtgctta atgttctctc atgtggttga tttttttttt tttttaattt atagagcatt1560
tcggggggggg tgggggaaac acacctaaac actttatctc caagttacaa aagtttgagg1620
tgacagaggga aggccagatt ttttttttaa tgaaattata tagattagat cttagattt1680
25 aaactgttcc tcaattttgt gaggtgtgtg tggaaataac ccgcctctag tgctgttgg1740
atgcaaggca gcggtgctta atcaatatct cctgtgctca ccagaggcaa aatgtaccaal1800
tatcctgaca ccattctctc tccatttact tctggtggtt accctgactc ttgactctta1860
gaagtgcctg agatggggct aacctttatt aaacagatcg catattatga tcttgcctga1920
gccacagtgc agctccacat taactctaca gaccaaacca tttgtatctg gcatcactta1980
30 ctaacacacg acatgaggct tttctgcata aactgctatg acggttaaga atgtcagtat2040
acaagaagga atagaaaact gatactgttt taaataatct gtaatttcaa tttttttttt2100
ttggctggct gaaatacatt atattgtacg tttgagataa ttctagtaca aagtataata2160
aaactagatg tataataaac cctttaaatc attggttaagt gtacaagtgg tggaactgaa2220
gcatttactg gacaaagtaa tgttactcta atggttactt gctcgtgcgt tgccacactg2280
35 tgttataatt tgcttcattt ccttgcattt tgatacatag tgtgcatttc tctgtcactg2340
taactattgt aatgacaaat tttcatctta ctgcacaatc aaaatgacat tgataggaat2400
gaactccaga ggctgggcct gaacagggag gtggtcgtc aggcctgggt ctcagtcgta2460
cgacctgtac ctctcaactt ttgcctatc tgttaaatat atgctatgtc attaaatgct2520
tttaaatcta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2559

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1493 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:63:

```

10 aaccctcaca gcacaccgga tgaacctgtg accaaggcgt gttcaactac accctccctc 60
 tgtccccagg ccagagcttc ttccaaggac aacagcaagc cagaagtgcc agtcagaggt 120
 acagcagcct ttaccatca tctcccagct gccagtgggt gcaagcagac ctctactaaa 180
 cgcaaagtag aggaaatgga agtggatgac ttctatgatg gaatcaaacg gctctataat 240
 gaagataatg tctcagaaaa tgtgggttct gtgtgtggca ctgatttatc aagacaagag 300
15 ggacatgctt ccccttgtcc acctttgcag cctgtttctg tcatgtagtt tcaacaagtg 360
 ctacctttga gtgtaaacta aggtagacta ctttgggaat gagaacatgc aaatcagga 420
 aaggctgtag aaggaaatat accttaacag gctgatttgg agtgagccag aaaaaaaaaa 480
 taaaactctc attatttgtg tggctaatta taattcagcg ttatttaagc acataaagac 540
 ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aatccaaaag atccaaactt tttttaact taaaaaatct 600
20 ctttgttagta tgtcagttgc actttttttc tgccataatg taacgtagct tgccccgtca 660
 aaaattcaat taaaattcat ggccagcaat cctgttcccc ctgagcatcc tgatttaatt 720
 ttcctgttgc ttttgcttgc ttctccattt aatagttact gaactttatg catgttgatc 780
 tatattgatt ttactgcag ttgaatgaac aaattatttc agtgtgacag ccatgactca 840
 agttccaatt agtctgaaaa ggtactttg gaattgtccc atattaatca gagatggcaa 900
25 aagaaaaagt tctcatatta ccaggttgat ttgtgtctc atttcaaatt ttaatttaaa 960
 attatggttt tcatttttgt ttaccttaaa gtgatgctta aaagtggcat gtaattagga1020
 cacttaggtt tgttgaaagc attttcgaca ttgtataaaa agaatttgtg ataaatatat1080
 ccaggtgctc accaaagaaa catgtattaa caacttaaat tagatttttc taactgatag1140
 ttttctactc ttataatca gtaggagaga ctgtctagat gttggggcag ctctatgatt1200
30 taagtctgta acatgttata actgaattta gtaccctagt tttgttaagc tattaggatt1260
 ttctaataga acttactccc cctgcctccc cagccttatg tttcttttaa tgacttctgg1320
 atcctgagct ccctttgcag tctgaaaaag gtattgcagt cagaactgtg tactgatgat1380
 aaaagcctct ggtagcaata aaaagtgtgc ctttaaaaaa aaaaaaaaaa gggaaaagag1440
 gaagggaggg aatgaagtcg ggaggggagg aatgaaaaag ggggggagcc ccc 1493
35

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

(A) LÄNGE: 1135 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:64:

5  
 10  
 15  
 20  
 25

```

cacaggtcca cagagtcctt ggttcactgt gactcctgca tgccagccca catgaatcgg 60
gctaagggtcc ctgggggtgc agatggtact gctgaggtcc cgggcttagt gtgagcatct 120
tgccagcctc aggccttgagg gagggctggg ctagaaagac cactggcaga aacaggaggc 180
tccggcccca caggtttccc caaggcctct caccctactt cccatctcca gggaagcgtc 240
gccccagtgg cactgaagtg gccctccctc agcggaggggg tttgggagtc aggcctgggc 300
aggaccctgc tgactcgtgg cgcgggagct gggagccagg ctctccgggc ctttctctgg 360
cttccttggc ttgcctggtg ggggaaggga aggaggggaa gaaggaaagg gaagagtctt 420
ccaaggccag aaggaggggg acaacccccc aagaccatcc ctgaagacga gcatccccct 480
cctctccctg ttagaaatgt tagtgcccgc cactgtgccc caagtcttag gccccccaga 540
aagctgtcag agccggccgc cttctccctt ctcccaggga tgctctttgt aaatatcgga 600
tggtgtgtgg agtgaggggt tacctccctc gcccacagg tccagaggcc ctaggcggga 660
tggtctcgct gaacctcgag gaactccagg acgaggagga catgggactt gcgtggacag 720
tcagggttca cttgggctct ctctagctcc ccaattctgc ctgcctctc cctcccagct 780
gcactttaac cctagaaggt ggggacctgg ggggaggagc agggcaggcg ggcccataaa 840
gaaagccctt cggtgcccag cactgtctgc gtctgctctt ctgtgccag ggtggctgcc 900
agcccactgc ctctgcctg gggtgccctg gccctcctgg ctgttgccag gcgggcttct 960
ggagcttgtc accattggac agtctccctg atggaccctc agtcttctca tgaataaatt1020
ccttcaacgc caaaaaaaaa aaaaaaacag cccgggggga cccactagtt ctagagcggc1080
cgccaccgcg gtggagctcc agcttttgtt cccttttagt aggggtaatt tcgag 1135

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1271 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:65:

50  
 55

```

acgttggaag agtttactgc accaattact tatctcattc tgcttacact acctcatccg 60
cttcttcacc ttcttcacat taatcatcat catcatcttc aatagcttct ccagtaaaat 120
ataacactga tcttgggatt atacgctcac gtaaaaagtg accaatttctg aagtctgcag 180
caaggatagc ttcagcatca tcattccagat ctccactctc aggaacttca ggagggggca 240
aaaagttaaa gaaagagtca ttggaaactg ttttagtcac agtacgaact gtccccacgtc 300

```

```

ccttgtgttt ctgcttcttc ttaatagttt tcaaagtgtc attctttcct tttttccaat 360
ctatctggca cccgtgtaca cccataattt ctggtccatc aaaagaaaag ggatcagaat 420
catctgggtc tgacctcatc ctgtatgtct ttgtcagcac ttcatttgta aaatattcat 480
tgggttcaaa gtgaaattct aagacaaaac tcataggctg gccagcatct gagaacttca 540
5 ctttaatatc tttcaagtgc ttcagaatag gttcatctgt ttctgaacc atatcactga 600
gcaagtcaac attcttaaaa acagttaacc aaaattcagg aattcctttg gggctcttct 660
tttcttcac ctttttctca tcttcaatct tggccttttc tttcaattcc tccgaaatct 720
catcttcttc atctgggttc cattcacatt ctcttccgt aggttcataa attgcattaa 780
taatttcaaa tcgcttatca aatagaggct gatagagaac agcatacttc ctttcaagat 840
10 catgaacttc ctcatagaat ttggcttcta tctgtgcaca ttaacttgc aggtttttga 900
gagcattcac tcgtctttta actaccctag gcaggctttc aatgtatcct gttggtgttt 960
ctaccagacc atcaagtctt tcttgaaggg ctgcaagaat ctgaggattt tgcattcatct 1020
gaacagttag ctgacgtgct ttgagttttg tttcttcacc agtttctctt tcttctactt 1080
cttcaacatc atccaaatct tgatcaagtt cagactgttc tttgttgta atgtctgccal 1140
15 tgttgaaga actccaaata tcggcgacta gtatggggag ccaggcggcc ggactgcgcal 1200
ggcagtgact caggcggccg gcggcagcag cagcgggagg agcaggaggc ggcgcccgcg 1260
gcagatggcg c
1271

```

## 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 887 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:66:

```

cgccccggcg caagcgccaa gagcgggtgc gtctatggtc atgacgtctg acagagcgtc 60
caccgtctct cgacaggact ctatggttct tacgcgcgca gacagaccgc ctatataagc 120
catgcgcagg cggaggagcg cctctttccc ttcgggtgtc cactgaagat cctggtgtcg 180
ccatgggccc ccgccccgcc cggtgttacc ggtattgtaa gaacaagccg taccctaaag 240
ctcgcttctg ccgagggtgc cctgatgcca agattcgcat tttgacctg gggcggaaaa 300
aggcaaaagt ggatgagttt ccgctttgtg gccacatggt gtcagatgaa tatgagcagc 360
tgctctctga agccctggag gctgcccga tttgtgcca taagtacatg gtaaaaagt 420
gtggcaaaaga tggcttccat atccgggtgc ggctccacc cttccacgtc atccgcatca 480
acaagatggt gtcctgtgct ggggctgaca ggctccaaac aggcattgca ggtgcctttg 540
gaaagcccca gggcactgtg gccagggttc acattggcca agttatcatg tccatccgca 600
ccaagctgca gaacaaggag catgtgattg aggccctgcg caggcccaag ttcaagtttc 660
ctggccgcca gaagatccac atctcaaaga agtggggcct caccaagttc aatgctgatg 720
aatttgaaga catggtggct gaaaagcggc tcatcccaga tggctgtggg gttcaagtac 780

```

atccccagtc gtggccctct ggacaagtgg cgggccctgc actcatgagg gcgttcaagg840  
 tgctgcccc ctgcttaaag ctgagccgat agattgactt gctgtgc 887

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1487 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:67:

30

|               |            |             |             |             |            |      |
|---------------|------------|-------------|-------------|-------------|------------|------|
| tttttttttt    | tttttttttt | tttttttttt  | tatcaacatt  | tatatgcttt  | attgaaagtt | 60   |
| gacaagtgca    | acagttaa   | acagtgcac   | cttacaattg  | tgtagagaac  | atgcacagaa | 120  |
| acatatgcat    | ataactacta | tacagggtgat | atgcagaaac  | ccctactggg  | aaatccattt | 180  |
| cattagtttag   | aactgagcat | ttttcaaagt  | attcaaccag  | ctcaattgaa  | agacttcagt | 240  |
| 35 gaacaaggat | ttacttcagc | gtattcagca  | gctagatttc  | agattacaca  | aagtgagtaa | 300  |
| ctgtgccaaa    | ttcttataat | ttctttaggt  | gtggtttttg  | tcatgtagca  | gtttttatgt | 360  |
| agatctatat    | ataaaagtcc | acacctcctc  | agacagccaa  | tgaaacaact  | aaatttcaat | 420  |
| ctgtacaacc    | taaatagtag | ttacagtcct  | ctattgtaca  | aaatagttac  | actacataca | 480  |
| caaataataca   | ataagcaaaa | caaccttcat  | ggtaagatag  | cctaggtccc  | agctacctgt | 540  |
| 40 caccattttg | tactctcat  | agttttgtgt  | catccattgt  | ttgagaagaa  | agaggcacag | 600  |
| tactattgtt    | ttttatgaat | tttggtgaca  | gttggtcaaat | ttgtacagt   | aactctgttc | 660  |
| ccccctattt    | tagtctttt  | accctccttt  | caagttcctc  | ctgggggggag | gagaggagag | 720  |
| aggcgagtc     | agtgaggagc | tccatcgctt  | cacaacccca  | tgtaggacac  | taagcgcaag | 780  |
| caggagagag    | aacccttgga | agtgagggtg  | agggagcccg  | aagggtgga   | aaggcacaca | 840  |
| 45 gctcctgagc | atgaattaaa | ccatttctca  | gatattctgcc | aagctgcatg  | aggtcccggg | 900  |
| atatcccatg    | taattctcgg | attaaccttt  | aattcaccca  | actaagaaat  | ttctccaagc | 960  |
| cataagcata    | tgagtgttta | atactggaaa  | agagataatg  | gcatatgtca  | gtctcacgtc | 1020 |
| tctttcgcag    | cgagcaatga | aatgggtgac  | tgtggaggca  | gattctccct  | agcacatctt | 1080 |
| ctccgtctgt    | tcagttcaca | cgcagcagcc  | agttctgcgg  | gggcataggc  | agctatgcgg | 1140 |
| 50 ttggtcctga | gccctgcgat | gctggctggg  | cggggggctg  | tgtggtgccc  | tgtggtcggg | 1200 |
| tggtggcagg    | gggggagcca | gtctgcagct  | gggcctgaaa  | ctgggcaagc  | tgctcaggac | 1260 |
| tggccagtgt    | cttcagcaga | ttgttctcct  | gctccagctg  | ggaatttttc  | tctattagtt | 1320 |
| ctttgatttg    | ctctttgagg | acctccactt  | cttctctgac  | cgcatacatc  | aaatggcttt | 1380 |
| tcactagatc    | catagcttgc | tcgattttgt  | tgtcaatagc  | taccacactt  | gcaccagagg | 1440 |
| 55 aggtttaagg | gagtcagacc | ccggtccccc  | gagctgtgtc  | ccgcggc     |            | 1487 |



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 869 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:68:

30 gggctcaggt gcgggacctg gaggagaaac tagagaccct gagactgaaa cgggcagaag 60  
 acaaagcaaa gctaaaagag ctggagaaac acaaaatcca gctggagcag gtgcaggaat 120  
 ggaagagcaa aatgcaggag cagcaggccg acctgcagcg gcgcctcaag gaggcgagaa 180  
 aggaagccaa ggaggcgtg gaggcaaagg aacgctatat ggaggagatg gctgatactg 240  
 ctgatgccat tgagatggcc actttggaca aggagatggc tgaagagcgg gctgagttccc 300  
 tgacgcagga ggtggaggca ctgaaggagc ggtgggacga gctcactact gacttagaga 360  
 tcctcaaggc tgagattgaa gagaagggtc cagatggcgc tgcattccagt tatcagctca 420  
 35 agcagcttga ggagcagaat gcccgcctga aggatgccct ggtgaggatg cgggatcttt 480  
 ctctctcaga gaagcaggag catgtgaagc tccagaagct catggaaaag aagaaccaag 540  
 agctgggaagt tgtgaggcaa cagcgggagc gtctgcagga ggagctaagc caggcagaga 600  
 gcaccattga tgagctcaag gagcagggtg atgctgctct ggtgctgag gagatggtg 660  
 agatgctgac agatcggaac ctgaatctgg aagagaaagt gcgcgagttg agggagactg 720  
 40 tgggagactt ggaagcgtg aatgagatga acgatgagct gcaggagaat gcacgtgaga 780  
 cagaactgga gctgcgggag cactgggaca tggcaggcgc gcgggttcgt gaggccaga 840  
 agcgtgtgga ggcagcccag gagacggtt gacactacca gcagaccatc aagaagtacc 900  
 gccagctgac cgcccatcta caggatgtga atcgggaact gacaaaccag caggaagcat 960  
 ctgtggagag gcaacagcag ccacctccag agacctttga cttcaaaatc aagtttgctg1020  
 45 agactaaggc ccatgccaa gcaattgaga tgggaattgag gcagatggag gtggcccagg1080  
 ccaatcgaca catgtccctg ctgacagcct tcatgcctga cagcttcctt cggccagggtg1140  
 gggaccatga ctgcgttctg gtgctgttgc tcatgcctcg tctcatttgc aaggcagagc1200  
 tgatccggaa gcaggcccag gagaagttt aactaagtga gaactgttca gagcggcctg1260  
 ggctgcgagg agctgctgg gagcaactca gctttgctgc tggactgggtg tactcgctga1320  
 50 gcctgtgca ggccacgcta caccgctatg agcatgccct ctctcagtc agtgtggatg1380  
 tgtataagaa agtgggcagc ctgtacctg agatgagtc ccatgagcgc tccttggatt1440  
 tcctcattga actgctgcac aaggatcagc tggatgagac tgtcaatgtg gagcctctca1500  
 ccaaggccat caagtactat cagcatctgt acagcatcca ccttgccgaa cagcctgagg1560  
 actgtactat gcagctggct gaccacatta agttcacgca gagtgcctg gactgcatga1620  
 55 gtgtggagg aggacggtg cgtgccttct tgcagggtg gcaggaggct acagatattg1680  
 ccctcctgct ccgggatctg gaaacttcat gcagtgcac ccgccagttc tgcaagaaga1740  
 tccgaaggcg aatgccagg acagatgctc ctgggatccc agctgcactg gcctttggac1800

```

cacagggtatc tgacacgctc ctagactgca ggaaacactt gacgtgggtc gtggctgtgc1860
tgcaggaggt ggcagctgct gctgcccagc tcattgcccc actggcagag aatgaggggc1920
tacttgtggc tgctctggag gaactggctt tcaaagcaag cgagcagatc tatgggaccc1980
cctccagcag cccctatgag tgtctgcgcc agtcatgcaa catcctcatc agtaccatga2040
5 acaagctggc cacagccatg caggaggggg agtatgatgc agagcggccc cccagcaagc2100
ctccaccggt tgaactgcgg gctgctgccc ttcgtgcaga gatcacagat gctgaaggcc2160
tgggtttgaa gctcgaagat cgagagacag ttattaagga gttgaagaag tcaactcaaga2220
ttaagggaga ggagctaagt gaggccaatg tgcggctgag cctcctggag aagaagttgg2280
acagtgcctg caaggatgca gatgagcgca tcgagaaagt ccagactcgg ctggaggaga2340
10 cccaggcact gctgcgaaag aaggagaaag agtttgagga gacaatggat gcactccagg2400
ctgacatcga ccagctggag gcagagaagg cagaactaaa gcagcgtctg aacagccagt2460
ccaaacgcac gattgaggga ctccggggcc ctctccttc aggcattgct actctggctc2520
ctggcattgc tgggtgaagaa cagcagcgag gagccatccc tgggcaggct ccagggtctg2580
tgccaggccc agggctggtg aaggactcac cactgctgct tcagcagatc tctgccatga2640
15 ggctgcacat ctcccagctc cagcatgaga acagcatcct caaggagagc cagatgaagg2700
catccttggc atccctgcc cctctgcatg ttgcaaagct atcccatgag ggccctggca2760
gtgagttacc agctggagcg ctgtatcgta agaccagcca gctgctggag acattgaatc2820
aattgagcac acacacgcac gtagtagaca tcaactcgac cagccctgct gccaaagagc2880
cgctcgccca acttatggag caagtggctc agcttaagtc cctgagtga accgtcgaga2940
20 agctcaagga tgaggtcctc aaggagacag tatctcagcg ccctggagcc acagtacca3000
ctgactttgc caccttcctc tcatcagcct tcctcagggc caaggaggag cagcaggatg3060
acacagtcta catgggcaaa gtgaccttct catgtgcggc tggttttgga cagcgacacc3120
ggctggtgct gaccagagag cagctgcacc agcttcacag tcgcctcatc tcctaagcac3180
tcctttcccc tgctgtcccc ttcgacctc agccctctgg tgccgctctg cccgatgcac3240
25 agccacctca gccagcccc aggtagaaac gtgggttaag ctcttcctgc cccgttcagc3300
ttcactccca ccctttcagc gtctgcccc ttcacctga cccgggttcc cccactccca3360
ttccctggcc tctgccataa tttgtgttc aactgtccc tccttcctga ggggctcag3420
ggcttgtggg gggtaggctg agacccacc accaaagggt aagtgaggtc cccttgattg3480
aggacttcac cccttgatta aagcaacttc tgcttcagtg aaaaaaaaaa aaaa 3534
30

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 35 (A) LÄNGE: 369 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:69:

atcttggttc cgcgttcctc gcacaaaatg cccggcaggt tacaggagtt actagagtca 60

ctatccggaa atctaagaat atcctctttg tcatcacaaa accagatgtc tacaagagcc120  
 ctgcttcaga tacttacaga gggtttgggg aagccaagat cgaagattta tcccagcaag180  
 cacaactagc agctgctgag aaattcaaag ttcaaggtga agctgtctca aacaatcaag240  
 aggacacaca gactccaacg gtacaagagg ggagtggggg ggaagaggtc gatgaaacag300  
 5 gtgtaggggt tagggccatt gaattggtca tgtcacaaag ccatgtgtcg agagcggagg360  
 cggtccgac 369

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 915 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:70:

ctcgagccgc ccgagccgct cggctgtttt cctgcgcagg agccgcaggg ccgtaggagg 60  
 35 ccatggcgcc cagccggaat ggcattgtct tgaagcccca ctccacaag gactggcagc120  
 ggcgcgtggc cacgtggttc aaccagccgg cccgtaagat ccgcagacgt aaggcccggc180  
 aagccaaggc gcgcgcgcatc gccccgcgcc ccgcgtcggg tcccatccgg cccatcgtgc240  
 gctgccccac gggtcggtag cacacgaagg tgccgcgcgg ccgcggcttc agcctggagg300  
 agctcagggt ggccggcatt cacaagaagg tggcccgac catcggcatt tctgtggatc360  
 40 cgaggaggcg gaacaagtcc acggagtccc tgcaggccaa cgtgcagcgg ctgaaggagt420  
 accgtcccaa actcatcctc ttccccagga agccctcggc cccaagaag ggagacagtt480  
 ctgctgaaga actgaaactg gccaccagc tgaccggacc ggtcatgccc gtccggaacg540  
 tctataagaa ggagaaagct cgagtcacat ctgagggaaga gaagaatttc aaagccttcg600  
 ctagtctccg tatggcccg gccaacggcc ggctcttcgg catacgggca aaaagagcca660  
 45 aggaagccgc agaacaggat gttgaaaaga aaaaataaag ccctcctggg gacttggaat720  
 cagtcggcag tcatgctggg tctccacgtg gtgtgtttcg tgggaacaac tgggcctggg780  
 atggggcttc actgctgtga ctctcctc ccaggggatt tggggcttac ttgaaagaca840  
 gtccaagccc tgggataata ctttactttc tgtgttgaaa cactgtgagt atggtggcat900  
 50 agggactgat gtaga 915

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

(A) LÄNGE: 2150 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:71:

```

cggcggcctt ggcgtgctgg cggccggagt ggacgcggat gtcctcctgg aggcctgctg 60
tgccgacgga caccggatgg ccactcatca gaaggactgc tcgctgccat atgctacgga 120
atccaaagaa tgcaggatgg tgcaggagca gtgctgccac agccagctgg aggagctgca 180
25 ctgtgccacg ggcacagacc tggccaacga gcaggaccgc tgtgccacgc cccacggtga 240
caacgccagc ctggaggcca catttggtga gaggtgctgc cattgtgtgc tgcctggggag 300
ggcggccacg gccaggggcc agagctgcga gtacagcctc atggttggct accagtgtgg 360
acaggctctc cgggcatgct gtgtcaagag ccaggagacc ggagatttgg atgtcggggg 420
cctccaagaa acggataaga tcattgaggt tgaggaggaa caaggaggacc catatctgaa 480
30 tgacgtctgc caggaggcgc ggccctgcaa gcagcagtgc cgagacacgg gtgacgaggt 540
ggtctgctcc tgcctcgtgg gctaccagct gctgtctgat ggtgtctcct gtgaagatgt 600
caatgaatgc atcacgggca gccacagctg ccggcttggg gaatcctgca tcaacacagt 660
gggctcttcc cgtgtccagc gggacagcag ctgcgggact ggctatgagc tcacagagga 720
caatagctgc aaagatattg acgagtgtga gagtggattt cataactgcc tccccgattt 780
35 tatctgtcag aatactctgg gatccttccg ctgccgaccc aagctacagt gcaagagtgg 840
ctttatacaa gatgctctag gcaactgtat tgatatcaat gagtgtttga gtatcagctg 900
cccgtgcctt attgggcata catgcatcaa cacagagggc tcctacacgt gccagaagaa 960
cgtgcccaac tgtggccgtg gctaccatct caacgaggag ggaacgcgct gtgttgatgt1020
ggacgagtgc ggcacacctg ctgagccctg tgggaaggga catcgctgcg tgaactctcc1080
40 cggcagtttc cgtgtcgaat gcaagacggg ttactatttt gacggcatca gcaggatgtg1140
tgtcgatgtc aacgagtgcc agcgtaccac cgggcgcctg tgtggccaca agtgcgagaa1200
cacgtgggac tcctacctct gcagctgttc cgtgggcttc cggctctctg tggatggcag1260
gtcatgtgaa gacatcaatg agtgcagcag cagcccctgt agccaggagt gtgccaacgt1320
ctacggctcc taccagtgtt actgccggcg aggtaccag ctgagcagtg tggatggagt1380
45 cacctgtgaa gacatcgacg agtgcgcctt gccaccggg ggccacatct gctcctaccg1440
ctgcatcaac atccctggaa gcttccagtg cagctgcccc tcgtctggct acaggctggc1500
ccccaatggc cgcaactgcc aagacattga tgagtgtgtg actggcatcc acaactgctc1560
catcaacgag acctgcttca acatccaggc cggcttccgc tgcctggcct tcgagtggcc1620
tgagaactac cgccgctccg cagccaccgc ctgtgagcgc ttgccttgcc atgagaatcg1680
50 ggagtgtctc aagctgcctc tgagaataac ctactaccac ctctctttcc ccaccaacat1740
ccaagcgcgc gcgggtggtt tccgcatggg cccctccagt gctgtccccc gggacagcat1800
gcagctggcc atcaccggcg gcaatgagga gggctttttc accaccggga aggtgagccc1860
ccacagtggg gtgggtggcc tcaccaagcc tgtccccgag cccagggact tgcctctgac1920
cgtcaagatg gatctctctc gccacggcac cgtcagctcc tttgtggcca agcttttcat1980
55 ctttgtgtct gcagagctct gagcactcgc ttcgcgtcgc ggggtctccc tcctgttgct2040
ttcctaaccg tgccctcccg ggcgttaata aagtcttagc aagcgtccca cacagtgaaa2100
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2150

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1705 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

20

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:72:

cagcagcgag ccggtgtgcg gcaggacgcc aacacctag ccaacctgtg ccagctgcgc 60  
 gccgccagcc gccgctccga gaggtgcac cggccgccg tcatcgctct gcagcgcgga 120  
 gcctgcggcc aagggcagga agatcccaac agtttgcgcc ataaatataa ctttatcgcg 180  
 30 gacgtggtgg agaagatcg ccctgccgtg gttcatatcg aattgtttcg caagcttccg 240  
 ttttctaaac gagaggtgcc ggtggctagt gggctctgggt ttattgtgtc ggaagatgga 300  
 ctgatcgatga caaatgccca cgtggtgacc aacaagcacc gggcacaagt tgagctgaag 360  
 aacggtgccca cttacgaagc caaaatcaag gatgtggatg agaaagcaga catcgcactc 420  
 atcaaaaattg accaccaggg caagctgcct gtcctgctgc ttggccgctc ctcaagactg 480  
 35 cggccgggag agttcgtggt cgccatcgga agcccgtttt cccttcaaaa cacagtcacc 540  
 accgggatcg tgagcaccac ccagcgaggc ggcaaagagc tggggctccg caactcagac 600  
 atggactaca tccagaccga cgccatcatc aactatggaa actcgggagg cccgttagta 660  
 aacctggacg gtgaagtgat tggaaattaac actttgaaag tgacagctgg aatctccttt 720  
 gcaatcccat ctgataagat taaaaagttc ctcacggagt cccatgaccg acaggccaaa 780  
 40 ggaaaagcca tcaccaagaa gaagtatat ggtatccgaa tgatgtcact cactgccagc 840  
 aaagccaaag agctgaagga ccggcaccgg gacttccag acgtgatctc aggagcgtat 900  
 ataattgaag taattcctga taccacagca gaagctggtg gtctcaagga aaacgacgtc 960  
 ataatacgca tcaatggaca gtccgtggtc tccgccaatg atgtcagcga cgtcattaaa1020  
 agggaaaagca ccctgaacat ggtggtccgc agggtaatga agatatcatg atcacagtgal1080  
 45 ttcccgaaga aattgaccga taggcagagg catgagctgg acttcatgtt tccctcaaag1140  
 actctcccgt ggatgacgga tgaggactct gggctgctgg aataggacac tcaagacttt1200  
 tgactgccat tttgtttgtt cagtggagac tccctggcca acagaatcct tcttgatagt1260  
 ttgcaggcaa aacaaatgta atgttgaga tccgcaggca gaagctctgc ccttctgtat1320  
 cctatgtatg cagtgtgctt tttcttgcca gcttgggcca ttcttgctta gacagtcagc1380  
 50 atttgtctcc tcctttaact gagtcacat cttagtccaa ctaatgcagt cgatacaatg1440  
 cgtagataga agaagcccca cgggagccag gatgggactg gtcgtgtttg tgcttttctc1500  
 caagtcagca cccaaaggct aatgcacaga gaccccggtt gggtagcgcg tggcttctca1560  
 aacggccgaa gttgcctctt tttaggaatc ctttggaatt gggagcacga tgactctgag1620  
 tttgagctat taaagtactt cttacacatt gaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1680  
 55 aaaaaagccg aaaagggagg gaaag 1705

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1565 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74:

25  
 gggggcgagc ggaggggctg aggggaggag aggcctggcg gggctctgcc agcgtccccg 60  
 gccacgtctg tgctctgtcc ttgtgtaatg gaatgcaaaa aagccaagcc ctccgcctag 120  
 aggtccccctc acgtgaccag ccccggtgtag ccccgggctg acccagtggtg tgctcagcag 180  
 cccacaccca ccctgcccct tgctctctca gagcctcagc ttctggggga gacatgctct 240  
 30 cccacagggg gggaggcact aagtcatggt cctggctgga aggtactgaa ggcttctgca 300  
 gctttggctg cacgtcacc tctgagcct cacttttctt gccgtccctc ctgttgtaga 360  
 atcaccacat tctgtctctg cttggcttcc cctccaccct aaagtctcag gtgacggact 420  
 cagactcctg gcttcagtgt gcattctctc tgctcagtga tctcacttaa atctatatac 480  
 aaagccttgg tcccgtgaaa acactcgtgt gccaccagc ggccttgaag aggcaggtct 540  
 35 gggccagatg ctgggcagga aacccagcg gcagatgggc ctgtgtgcac ccaacgtgat 600  
 gctatgcatg tctgaccgac gatccctcga ccagaatcag attcaggagc tcagtttctt 660  
 ttctacttgg gtctctggat tctgtcata gggaaggat atcaggaggg gaagaggcct 720  
 ttctagaatt ttctttgagc aggtttacaa tttagcttac atttttcgac tgtgaacgtg 780  
 aataggctgc tttttgcttt cttctttcca gacccacag tagagcactt ttcacttatt 840  
 40 tgggggaggg ttcaggggac tgttctcacc ttaactcagc cagaaagatg ccctagttgt 900  
 gatcaaaggt aactcgaggt ggagggtagc cctggggccc ctcgacatca ccgtcattga 960  
 tggagcctga accgtgtgct cctcggcaga tgctgtgtt gttacttccc tccaagaggc1020  
 tggaaaaggg ctgagagctg ctgagcagga accggagggt gaccatttc aggaggtgcc1080  
 ggtaccagcc tgactaggtg caggcaagct tgtgtgggcc caacaggccc ttggtagagc1140  
 45 tgggtgccaga tgtgggctca gatcctgggc atgatgggcc gagccacctc ggatcccact1200  
 gattggccag ccgagcgaga accaggctgc tgcatggcac tgaccgccgc ttccagcttc1260  
 ctctgagccg cagggcctgc tacgcgggca agcgtgctgc ctctcttctg tgcgttttg1320  
 ttgccaaaggc agaataaaaa gtccttaacc gtggactctt cctttatccc ctctttacc1380  
 ccacatatgc aatgactttt aattttcact ttgtagttt aatcctttgt attacaacat1440  
 50 gaaatatagt tgcatatatg gacaccgact tgggaggaca ggtcctgaat gtcctttctc1500  
 cagtgtaca tggtttactc acaataaaaa ttctttcagc aagttccttg tctttctctc1560  
 tggga 1565

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 4750 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:76:

```
25 gcgttcgagt gatgccttgc accccaacct ggcccccgcc gccgcccacg cccagccccg 60
actccagcca gcgcctccct ccaccccagg acgccactca ttcatctca ttaagggaa 120
aaatatatat ctatctatctt gaggaactg aggacctcg aatctctagc aagggtcaa 180
cttcgaaaat ggcaacaaca gagatgcaaa aagctaaaaa gacaccccc ccctttaaat 240
ggttttcttt ttgaggcaag ttgatgaac agagaaggga agagaggaa aacgagagga 300
agagaaggga aggaagtgtt tgtgtagaag agagagaaa acgaatagag ttaggaaaag 360
30 gaagacaagc aggtgggcag gaaggacatg caccgagacc aggcaggggc ccaactttca 420
cgtccagccc tggcctgggg tcgggagagg tggcgctag aagatgcagc ccaggatgtg 480
gcaatcaatg aactattgg ggttcccag gatggattgg tcagggggag aaaggaaaag 540
gcaaaacact ccaggacctc tcccgatct gtctcctcct ctaccagca gtatggacag 600
ctggaccccc gaacttcctc tctcttacc tgggcagagt gttgtctctc cccaaattta 660
35 taaaaactaa aatgcattcc attcctctga aagcaaaaca aattcataat tgagtatat 720
taaatagaga ggttttcgga agcagatctg tgaatatgaa atacatgtgc atatttcatt 780
ccccaggcag acatttttta gaaatcaata catgccccaa tattgaaaag acttgttctt 840
ccacggtgac tacagtacat gctgaagcgt gccgtttcag cctcattta attcaatttg 900
taagtagcgc agagcctctg tgggggagga taggctgaaa aaaaaaagt ggctcgtatt 960
40 tatctacagg actccatata gtcatatata ggcatataaa tctattcttt ttctttgttt 1020
ttttctttct tctttctttt caaagggttg cattaaacttt tcaaagtagt tcctatagggt 1080
gcattgagga gcttcctcat tctgggaaaa ctgagaaaa ccatattctc ctaatacaac 1140
ccgtaaatagc atttttgctt gcctcgaggc agagtttccc gtgagcaata aactcagctt 1200
ttttgtgggg cacagtactg gatttgacag tgattcccca cgtgtgttca tctgcaccca 1260
45 ccgagccagg cagaggccag ccctccgtgg tgcacacagc acgcgcctca gtccatccca 1320
ttttagtctt taaaccctca ggaagtcaca gtctccggac accacaccac atgagcccaa 1380
caggtccacg atggatccac cagtcaccac ccagcctttt cctttcatct gaacagaatg 1440
tgcatttttg gaagcctccc tactctcca tgctggcaga gcaggaggga gactgaagta 1500
agagatggca gagggagatg gtggcaaaaa ggtttagatg caggagaaca gtaagatgga 1560
50 tggttccggc cagagtcgat gtggggagga acagagggct gaaggagag ggggctgact 1620
gttccattct agctttggca caaagcagca gaaaggggga aaagccaata gaaatttcct 1680
tagcttcccc accatatgta ttttctagga tttagagga aagagaggaa aatgggggaa 1740
tgggttgcaa aatagaaatg agcttaatcc aggccgaga gccagggaag gtgagtaact 1800
ttaggagggt gctagacttt agaagccaga taggaagaat cagtctaaac tggccatgct 1860
55 ttggaaggga caagactatg tgctccgctg cccaccttca gcctgcaatg agggactgag 1920
gcccacagat ctttccagct cttcctccat tctggccagt ccctgcatcc tccctggggt 1980
ggaggatgga aggaaagctg ggacaagcag ggaacgcag attcagggt gctgtcactc 2040
ggcagccaga ttccgaaact cccattctcc aatgacttcc tcaaccaatg ggtggccttg 2100
```

```

5 tgactgttct ttaaggctga agatatccag gaaagggggc ttggacactg gccaaaggaga2160
 ccccttcgtg ctgtggacac agctctcttc actctttgct catggcatga cacagcgag2220
 accgcctcca acaacyaatt tggggctacg aagaggaata gcgaaaaagc aaatctgttt2280
 caactgatgg gaacctata gctatagaac ttgggggcta tctcctatgc ccctggacag2340
10 gagagtggc tggggacagg agaagtgtc aatcttcatg agacaaagg gcccgatagg2400
 ccagcagcca caaggccttg acctgccgag tcagcatgcc ccatctctct gcacagctgt2460
 cccctaaacc caactcacgt ttctgtatgt cttaggccag tatcccaaac ctcttccacg2520
 tcaactgtct ttcaccccat tctccctttg catcttgagc agttatccaa ctaggatctg2580
 ccaagtggat actgggggtgc cactcccctg agaaaagact gagccaggaa ctacaagctc2640
15 ccccccacatt cctcccagcc tggacctaatt tcttgagagg ggctctctct tcacggactg2700
 tgtctggact ttgagcaggc ttctgcccct tgcgttggct ctttgctgcc agccatcacg2760
 tgggggatta gagcctggtg taagtgcgcc agactcttcc ggtttccaaa gttcgtgcc2820
 gcgaacccaa acctgtgagt ctcttctgca tgcaggagtt tctcctgggc agctggtcac2880
 tccccagaga agctgggcct tcatggacac atggaactaa gcctcccaa tgggagttct2940
20 ggctgagccc aggggtgggga gatcctggga agggaggcac tggaggaaaga cggcacctct3000
 tcccccatgg cagggtgtga gggaggcagg tttggaatgg tgcgagtatg gcaatctaag3060
 cagggtgtct gtctctttga ctccaggctg gcctttggcc gactgtctgc tcaccagag3120
 accttggaact cgggactatc catggtccg aatctaagt ctgcccactc ccattgctcac3180
 acccacagaa ggtcttccca tcccccttag attcgtgcct cactccacca gtgaggaaga3240
25 tgcctctgtc tttcccacga ctgccaggag atagggaagc ccagccagga ctgaccctcc3300
 ttccctcagc ctgccctgac ccacctggca aagcagggca catggggagg aagagactgg3360
 aacctttctt tgacagccag gcctagacag acaggcctgg ggacactggc cccatgagg3420
 gaggaaggca ggcgcacgag gtccaggag gcccttttct gatcatgcc cttctctccc3480
 accccatctc cccaccacca cctctgtggc ctccatggta cccccacagg gctggcctcc3540
30 cctagagggt gggcctcaac cacctgtctc cgccacgcac cggttagtga gacagggtg3600
 ccacggcaac cgccaagccc ccctcaaggt gggacagtac cccggacca tccactca3660
 cctgagaggg ctccggccca gaatgggaac ctacagaga agctctaagg agaagaaacc3720
 ccatagcctc agagaggata tgtctggctt ccaagagaaa ggaggctccg ttttgcaa3780
 tggaggaggg acgagggaca ggggtttcac cagccagcaa cctgggcctt gtactgtct3840
35 tgtttttaaa accactaaag tgcaagaatt acattgcact gtttctccac tttttat3900
 ctcttaggct tttgtttcta tttcaaacat actttcttgg ttttctaag gagtatata3960
 ttttagtcatt tcacagactc tggcctcctc tcctgaaatc cttttggatg gggaaagg4020
 aggtgggggag ggtccgaggg gaaggggacc ccagcttccc tgtgcccgt caccctc4080
 caccagtcct cggtcgccag ccggagtctc ctctctaccg ccactgtcac accgtagccc4140
40 acatggatag cacagttgtc agacaagatt ccttcagatt ccgagttgcc taccggttg4200
 tttcgttgtt gttgttgtt tttttctttt tctttttttt tttgaagaca gcaataacca4260
 cagtacatat tactgtagtt ctctatagtt ttacatacat tcataccata actctgttct4320
 ctctcttttt tggttttcaa ctttaaaaac aaaaataaac gatgataatc tttactggt4380
 aaaaggatgg aaaaataaat caacaaatgc aaccagtttg tgagaaaaaa aaaaaaaa4440
45 ccgaaaaaaa aaaaaaaaac acctgaatgc ggaagagctc ggctcccgt tagcattttg4500
 tacttaagga aataaaaaac caacaaagga tctcacattt tcttaaaaaa tgaagattgc4560
 tgtatactat ttattcaact tataatttat gttactcctt gatctttgtc tttgtcatg4620
 acaaagcatt tatttaataa agttatgcac tcagttaaaa aaaaaaaaaa ggcggcgaaa4680
 ggtgtcagag acagggggga tgggggatga ggatgagggg ggagggacgg taggtgtggg4740
 ggggggcccc

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1505 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN



(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77:

```

15 acccacgtgg cggtccagc gtgcaccctt ctttgtgctc gggttaggag gagctaggct 60
 gccatcgggc cggtgcagat acgggggtgc tcttttgctc ataagagggg cttcgctggc 120
 agtctgaacg gcaagcttga gtcaggaccc ttaattaaga tcctcaattg gctggagggc 180
 agatctcgcg agtagggcaa cgcggtaaaa atattgcttc ggtgggtgac gcggtacagc 240
 tccccaaagg cgttcgtaac gggaatgccg aagcgtggga aaaaggagc ggtggcgga 300
 gacggggatg agctcaggac agagccagag gccagaaga gtaagacggc cgcaaaqaaa 360
20 aatgacaaaag aggcagcagg agaggggcca gccctgtatg aggaccccc agatcagaaa 420
 acctcaccce gtggcaaacc tgccacactc aagatctgct cttggaatgt ggatgggctt 480
 cgagcctgga ttaagaagaa aggattagat tgggtaaaag aagaagcccc agatatactg 540
 tgctttcaag agaccaaag ttcagagaac aaactaccag ctgaacttca ggagctgcct 600
 ggactctctc atcaatactg gtcagctcct tcggacaagg aagggtacag tggcgtgggc 660
25 ctgctttccc gccagtgcgc actcaaagtt tcttacggca taggcgagga ggagcatgat 720
 caggaaggcc ggggtgattgt ggctgaattt gactcgtttg tgctggtaac agcatatgta 780
 cctaattgag gccgaggtct ggtacgactg gtagaccggc agcgtctggg tgaagccttt 840
 cgcaagtccc tgaagggcct ggcttcccga aagccccctg tgctgtgtgg agacctcaat 900
 gtggcacatg aagaaattga ccttcgcaac cccaagggga acaaaaagaa tgctggcttc 960
30 acgccacaag agcgccaagg cttcggggaa ttactgcagg ctgtgccact ggctgacagc1020
 tttaggcacc tctaccccaa cacaccctat gcctacacct tttggactta tatgatgaat1080
 gctcgatcca agaattgttg ttggcgctt gattactttt tgttgtccca ctctctgtta1140
 cctgcattgt gtgacagcaa gatccgttcc aaggccctcg gcagtgatca ctgtcctatc1200
 accctatacc tagcactgtg acaccacccc taaatcactt tgagcctggg aaataagccc1260
35 cctcaactac cattccttct ttaaacactc ttcagagaaa tctgcattct atttctcatg1320
 tataaaacta ggaatcctcc aaccaggctc ctgtgataga gttcttttaa gcccaagatt1380
 ttttatttga gggttttttg ttttttaaaa aaaaattgaa caaagactac taatgacttt1440
 gtttgaatta tccacatgaa aataaagagc catagtttca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1500
 aaaaaa 1505
40

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 2008 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:78:

```

10 gcgctccccg cctgcgccca ggcggcgcg cccgcgcccc gtcctcgggc ggtcatgctg 60
 cccctctgcc tcgtggccgc cctgctgctg gccgcccggc ccgggcccag cctgggcccag 120
 gaagccatcc actgcccgcc ctgctccgag gagaagctgg cgcgctgccg cccccctgtg 180
 ggctgcgaag agctgggtcg agagccgggc tggggctgtt gcgccacttg cgccttgggc 240
15 ttggggatgc cctgcggggt gtacaccccc cgttgcggct cgggctcgcg ctgctacccg 300
 ccccgagggg tggagaagcc cctgcacaca ctgatgcacg ggcaaggcgt gtgcatggag 360
 ctggcgagga tcgaggccat ccaggaaagc ctgcagccct ctgacaagga cgagggtgac 420
 ccccccaaca acagcttcag cccctgtagc gcccatgacc gcagtgcctg cagaagcact 480
 tcgccaaaat tcgagaccgg agcaccagtg ggggcaagat gaaggtcaat ggggcgcccc 540
20 gggaggtatgc cgggctgtg ccccagggtc cctgccagag cgagctgcac cgggcgctgg 600
 agcggctggc cgcttcacag agccgacccc acgaggacct ctacatcatc cccatcccca 660
 actgcgaccg caacggcaac ttccacccc agcagtgtca cccagctctg gatgggcagc 720
 gtggcaagtgc ctgggtgtgtg gaccggaaga cgggggtgaa gcttccgggg ggctggagc 780
 caaaggggga gctggactgc caccagctgg ctgacagctt tcgagagtga ggctggccag 840
25 caggccaggg actcagcgtc ccctgtact cctgtgctct ggaggctgca gagctgaccc 900
 agagtggagt ctgagtctga gtctgtctc tgcctcgggc ccagaagttt cctcaaatg 960
 cgcgtgtgca cgtgtgcgtg tgcgtgcgtg tgtgtgtgt tgagcatggg tgtgccctt 1020
 gggtaagcca gagcctgggg tgttctctt ggtgttacac agccaagag gactgagact 1080
 ggcacttagc ccaagaggtc tgagccctgg tgtgtttcca gatcgatcct ggattcactc 1140
30 actcactcat tccttctc atccagccac ctaaaaacat ttactgacca tgtactacgt 1200
 gccagctcta gttttcagcc ttgggagggt ttattctgac ttctctgat tttggcatgt 1260
 ggagacactc ctataaggag agttcaagcc tgtgggagta gaaaaatctc attcccagag 1320
 tcagaggaga agagacatgt accttgacca tcgtccttcc tctcaagcta gccagagggt 1380
 gggagccctaa ggaagcgtgg ggtagcagat ggagtaatgg tcacgagggtc cagacccact 1440
35 cccaaagctc agacttgcca ggctcccttt ctcttcttcc ccaggctcct ccttaggtc 1500
 tgggtgttgc accatctgct tgggtgctg gcagctgaga gccctgctgt gggagagcga 1560
 aggggggtcaa aggaagactt gaagcacaga gggctaggga ggtggggtac atttctctga 1620
 gcagtcaggg tgggaagaaa gaatgcaaga gtggactgaa tgtgccta at ggagaagacc 1680
 cacgtgctag gggatgagg gcttctctgg tcctgttccc taccctatt gtggtcacag 1740
40 ccatgaagtc accgggatga acctatcct ccagtggctc gtcctctgta gctctgcctc 1800
 cctctccata tctccttccc ctacccctcc ctccccacac ctccctactc ccctgggcac 1860
 cttctggctt gactggatgg aaggagactt aggaacctac cagttggcca tgatgtcttt 1920
 tcttcttttt ctttttttta acaaaacaga acaaaaccaa aaaatgtcca gaaaaaaaaa 1980
 aaaaaaaaaa gaggagggtg gggaagag
45

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 50 (A) LÄNGE: 2156 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:80:

```

15 ggggccccgg gcttccccgt cggctccccg ctgagctcgc ccgtgttccc gcgggagggt 60
 ttcggtccta agggctcctc cagctcgggt acgtccccgc tgtaccaggt gtgcgcacag 120
 tcgggagggg ccggggggcct ggggtcgtg cgggccagcc ggctggggac caccgcacag 180
 ccctcctcct acggcgaggg cgagctgctg gacttctcac tggccgacgc ggtgaaccag 240
 gagtttctga ccacgcgcac caacgagaag gtggagctgc aggagctcaa tgaccgcttc 300
20 gccaaactaca tcgagaagggt gcgcttccctg gagcagcaga acgcggcgct cgcccgccga 360
 gtgaaccggc tcaaggggcg cgagccgacg cgagtggccg agctctacga ggaggagctg 420
 cgggagctgc ggcggccaggt ggagggtgctc actaaccagc gcgcgcgcgt cgacgtcgag 480
 cgcgacaacc tgctcgacga cctgcagcgg ctcaaggcca agctgcagga ggagattcag 540
 ttgaaggaaag aagcagagaa caatttggct gccttccgag cggacgtgga tgcagctact 600
25 ctgactcgca ttgacctgga gcgcagaatt gaattctctc acgaggagat cgcgttctct 660
 aagaaagtgc atgaagagga gatccgtgag ttgcaggctc agcttcagga acagcagggtc 720
 cagggtggaga tggacatgtc taagccagac ctactgccc ccctcaggga catccgggct 780
 cagtatgaga ccatcgcggc taagaacatt tctgaagctg aggagtggta caagtcgaag 840
 gtgtcagacc tgaccagggc agccaacaag aacaacgacg ccctgcgcca ggccaagcag 900
30 gagatgatgg aataccgaca ccagatccag tcctacacct gcgagattga cgccctgaag 960
 ggcactaacg attccctgat gaggcagatg cgggaattgg aggaccgatt tgccagtgaag 1020
 gccagtggct accaggacaa cattgcgcgc ctggaggagg aaatccggca cctcaaggat 1080
 gagatggccc gccatctgcg cgagtaccag gacctgctca acgtgaagat ggccctggat 1140
 gtggagattg ccacctaccg gaagctgctg gagggagagg agagccggat caatctcccc 1200
35 atccagacct actctgccct caacttccga gaaaccagcc ctgagcaaag gggttctgag 1260
 gtccatacca agaagacggt gatgatcaag accatcgaga cacgggatgg ggaggtcgct 1320
 agtgaggcca cacagcagca gcatgaagtgc ctctaaagac agagaccctc tgccaccaga 1380
 gaccgtcctc acccctgtcc tcactgtctc ctgaagccag ccttcttcca tcccaggaca 1440
 ccacacccag cctcagtcct cccctcacag cgtctgacct ctctcactg gccatccctc 1500
40 gtgggtcccc acagcgacat agcccatccc tgccctggtc caggggcatgc cccggccacc 1560
 tctgaggacc ccagctgtga gccttggtg ttggcagtga gtgagcctgg ctcttggtgt 1620
 ggatggagcc caggcgaggag cgggtggcct gtccctccca cctctgtgac ctacggcact 1680
 agcctttggc tctggagaca gccccagagc aggggtgttg gatactgcag ggccaggact 1740
 gagccccgca gacctcccca gccctagacc caggagagag aaagccaggc aggtagccag 1800
45 ggggactagc ccctgtggag actggggggc ttgaaattgt ccccgtggtc tcttactttc 1860
 ctttccccag cccagggtgg acttagaaaag caggggctac aagagggaat ccccgaaggt 1920
 gctggagggt ggagcaggag attgagaagg agagaaagt ggtgagatgc tggagaagag 1980
 aggagaggag agaggcagag agcgggtctc ggctgggtgg aggggcgccc acctccccac 2040
 gccctccctt cccctgctgc aggggtctct gagagaaaaca ataaagagat tcacacacaa 2100
50 gccaaaagaa aagaaaaaaa aaaaaaaaag aaaggaaaag agggaagaaa aggtgc 2156

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 906 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:81:

```

20 gtgcaggccg cggtaggggtg gggcggcgaa ggccggaagg gataaaaccg cagtcgcccgg 60
 cctcgcgggg ctcacggcct cgcctcggtg tcgcagcggg tcctctctat ctagctccag120
 cctctcgccg gcgcccact ccccgcgctc cgcgtcctag ccgaccatgg ccgggcccct180
 gcgcgccccg ctgctcctgc tggccatcct ggccgtggcc ctggccgtga gccccgcggc240
 cggctccagt cccggcaagc cgcgcgcct ggtgggaggg cccatggacg ccagcgtgga300
25 ggaagagggt gtgcggcgtg cactggactt tgccgtcggc gagtacaaca aagccagcaa360
 cgacatgtac cacagccgcg cgtgcagggt ggtgcgcgcc cgcaagcaga tcgtagctgg420
 ggtgaactac ttcttgagcg tggagctggg ccgaaccacg tgtaccaaga cccagcccaa480
 cttggacaac tgccccttcc atgaccagcc acatctgaaa aggaaagcat tctgctcttt540
 ccagatctac gctgtgcctt ggcagggcac aatgaccttg tcgaaatcca cctgtcagga600
30 cgcctagggg tctgtaccgg gctggcctgt gcctatcacc tcttatgcac acctcccacc660
 ccctgtattc ccaccctgg actggtggcc cctgccttgg ggaagggtct cccatgtgcc720
 tgcaccagga gacagacaga gaaggcagca ggccgccttt gttgctcagc aaggggctct780
 gccctccctc cttccttctt gcttctcata gccccggtgt gcggtgcata cccccccacc840
 tcctgcaata aaatagtagc atcggcaaaa aaaaaaaga ggaagagggg aaggaaggga900
35 gatgcc 906

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 595 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:82:

10 cgcggtcgcc aaaaagaaa acaacgggaa gaaggagttt ggagccgact gcaagtacaa 60  
 gtttgagaac tggggtgctg gtgatggggg cacaggcacc aaagtccgcc aaggcaccct120  
 gaagaaggcg cgctacaatg ctcaagtcca ggagaccatc cgcgtcacca agccctgcac180  
 cccaagacc aaagcaaagg ccaaagccaa gaaagggaag ggaaaggact agacgccaag240  
 cctggatgcc aaggagcccc tgggtgcaca tggggcctgg ccacgcct ccctctcca300  
 15 ggcccagat gtgaccacc agtgcttct gtctgctcgt tagctttaat caatcatgcc360  
 ctgccttgct cctctcactc ccagcccca cccctaagtg cccaaagtgg ggagggacaa420  
 gggattctgg gaagcttgag cctcccccac agcaatgtga gtcccagagc ccgcttttgt480  
 tcttcccac aattccatta ctaagaaaca catcaaataa actgactttt tcccccaaa540  
 aaaagctctt cttttttaat ataaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaa agaaa 595

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1566 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:83:

45

50 gcgttccgct ctgaggcgcg cccgccccgg ggtaagctcg cgccgccgcg tcaactcagcg 60  
 ctgggtctct cggtcccga gccgtgagga ggacggctcg catactcgct gcccgccggc 120  
 tccctcccc gcgtccctgc gaccgccgcg gcgaagatgg cctcaggagt gcaagtagct 180  
 gatgaagtat gtcgcatttt ttatgacatg aaagtccgta aatgctccac accagaagaa 240  
 atcaagaaaa gaaagaaggc tgtcattttt tgtctcagtg cagacaaaaa gtgcatcatt 300  
 gtagaagaag gcaaagagat cttgggttga gatgttggtg taaccataac tgatcctttc 360  
 aagcattttg tgggaatgct tctgaaaaa gattgtcgct atgctttgta tgatgcaagc 420  
 tttgaaacaa aagaatccag aaaagaagag ttgatgtttt ttttgtgggc accagaacta 480  
 gcaacctctga aaagtaaaat gatctatgca agctccaagg atgcaattaa aaagaaattt 540  
 55 caaggcataa aacatgaatg tcaagcaaat ggaccagaag atctcaatcg ggcttgtatt 600

```

gctgaaaagt taggtggatc ctttaattgta gcctttgaag gatgccctgt gtagattatt 660
cagtgccaca aattgaaagc ttccatgttt aatgttatcc tcttgctata taaataaagc 720
aaatatatatt aggccagggt ctactgagg gggagctgtc ttgtcatctt ttagagtaaa 780
ctattctata aacatatgca aacagcccta aataaatcta aagtctaaaag ttttattgat 840
5 gtgaaattaa attcttattg gccaaatgcc tgttttgatg agttgattta taaagatttt 900
tgttaagctc aggattttta attacacagt tcacaaacag taaaggccat gtgaagagaa 960
ttattacatc tttattaacc tcagcattta ctttgtttct ttgcttagg aaattgctca1020
taatctgggtt ataattttgg tccaaattct ttattcttcc ttgagctaag cagaataatg1080
gaatataata tgtcttcata atataacaac actaatcac taatagtaag attagttag1140
10 gcagtcttct accaaatgtg taatggagat tgcccaaaa ttgtgtccac ataatccacg1200
ctcatcttgc aaagcgctat ttcaggcaca tcattggaat acaggaagta gccctgcacc1260
tgccagttag ctgcgcattc actgattgga agagtgcact ggcatcttgg aaatcattgt1320
gtgtcttcag gagaatgtgc agtgtcttgt aacaactaat tataatgcaa attagggcta1380
cattgtaatc tgctttgtta atgaaaatga taaaacagaa tattgacaag ctaggacacc1440
15 tgtggtatct ttaattgtat ctcttcaga agtttgcttc ttatggtata ataaagtatg1500
gaagaataaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa aaggggaagg aggggagagt gttggagaga1560
ggagggg 1566

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1047 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:84:

```

45 actgcagac gcgcgccgc tctcgcgctc gctctggact ggcgaggcg caagccggca 60
agatggcggc ggctggggct ggccgtctga ggcggtggc atcggtctg ctgctgcgga 120
ccccgcctg cccgcccggg agctgtcggc cccggcccga ctctatcaca agaaggttgt 180
tgatcattat gaaaatccta gaaacgtggg gtcccttgac aagacatcta aaaaattgtg 240
aactggactg gtgggggctc cagcatgtgg tgacgtaatg aaattacaga ttcaagtggc 300
50 tgaaaagggg aagattgtgg atgctagggt taaaacattt ggctgtggtt ccgcaattgc 360
ctccagctca ttagccactg aatgggtgaa aggaaaagacg gtggaggaag ccttgactat 420
caaaaacaca gatatcgcca aggagctctg ccttcctccc gtgaaactgc actgctccat 480
gctggctgaa gatgcaatca aggccgccct ggctgattac aaattgaaac aagaacccaa 540
aaaaggagag gcagagaaga aatgagccct ccctcggcga aacctccagc aggccacacc 600
55 agctgtttcc cacctgctgt gcagtcacct tagatgttca gaagccgctt cctctccact 660
gaagagctat gagatacgca caatacttgc tgttcacgtt atgactctca tgcaagcaaa 720
atacacagtt tcattgttct gaatcctgtg gtttctttca gccactttt atcgccctaa 780

```

```

cctagttaat gtatatatttg aattgtgtgt atgacctcag aactgaaatt gataatgaag 840
ttgcaagttt tgatagcccg tgaagtgcac aagtatctaa ttttacctga attgatttgg 900
ggggaaatta ccagtagaat gccttggtct gaatatattga tagaaccaat tgttgtagat 960
aaaacagatc tgcgcatata tatatatgta taaaaataaa .taaaataatg gaagatgaaa1020
5 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 1047

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 519 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:85:

```

ggccagccct ggggcgccct aaaaaccgga gctggcgctt ggcatcgcca ctctgggcag 60
gatccaacgt cgctccagct gctcttgacg actccacaga taccgccgaag ccatggcaag120
35 caagggccttg caggacctga agcaacaggt ggaggggacc gccaggaag ccgtgtcagc180
ggccggagcg gcaggtcagc aagtgggtgga ccaggccaca gaggcggggc agaaagccat240
ggaccagctg gccaagacca cccaggaaac catcgacaag actgctaacc aggcctctga300
caccttctct gggattcggg aaaaaattcg gcctcctgaa atgacagcag ggagacttgg360
gtcggcctcc tgaaatgata gcaggagac ttgggtgacc ccccttcag gcgccatcta420
40 gcacagcctg gccctgatct ccgggcagcc accacctcct cggctctgcc cctcattaaa480
attcacgttc ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttttg 519

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

### 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2170 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:86:

```

15 ggacaaacac ggacagtatc tcatcgggca tggactaag gtctacatcg accccttcac 60
 ttatgaagac cctaattgagg ctgtgaggga atttgcaaaa gagatcgatg tctcctacgt 120
 caagattgaa gaggtgattg gtgcagggtga gtttggcgag gtgtgccggg ggcggctcaa 180
 ggccccaggg aagaaggaga gctgtgtggc aatcaagacc ctgaagggtg gctacacgga 240
 gcggcagcgg cgtgagtttc tgagcgaggc ctccatcatg ggccagtctg agcaccctaa 300
20 tatcatccgc ctggaggggc tggtcaccaa cagcatgccc gtcattgatt tcacagagtt 360
 catggagaac ggcgcctctg actccttcct gcggctaaac gacggacagt tcacagtcatt 420
 ccagctcgtg ggcatgctgc ggggcatcgc ctcgggcatg cggtagcttg ccgagatgag 480
 ctacgtccac cgagacctgg ctgctcgcaa catcctagtc aacagcaacc tcgtctgcaa 540
 agtgtctgac tttggccttt cccgattcct ggaggagaac tcttcgatc ccacctacac 600
25 gagctccctg ggaggaaaga ttcccatccg atggactgcc ccggaggcca ttgccttccg 660
 gaagtctact tccgccagtg atgcctggag ttacgggatt gtgatgtggg aggtgatgtc 720
 atttggggag agccgtact gggacatgag caatcaggac gtgatcaatg ccattgaaca 780
 ggactaccgg ctgccccccg ccccgactg tcccacctcc ctccaccagc tcattgctgga 840
 ctgttggcag aaagaccgga atgcccggcc ccgcttcccc cagggtggtc ggcctctgga 900
30 caagatgatc cggaaccccc ccagcctcaa aatcgtggcc cgggagaatg gcggggcctc 960
 acaccctctc ctggaccagc ggcagcctca ctactcagct tttggctctg tgggagagtg 1020
 gcttcgggcc atcaaaaatgg gaagatacga agaaagtctc gcagccgctg gctttggctc 1080
 cttcgagctg gtcagccaga tctctgtgta ggacctgtc cgaatcggag tcaactctggc 1140
 gggacaccag aagaaaatct tggccagtgt ccagcacatg aagtcaccag ccaagccggg 1200
35 aaccccggtt gggacaggag gaccggcccc gcagtactga cctgcaggaa ctccccaccc 1260
 cagggacacc gcctcccat tttccggggc agagtgggga ctccacagag cccccagccc 1320
 tgtgccccgc tggattgcac tttgagcccc tggggtgagg agttggcaat ttggagagac 1380
 aggatttggt ggttcctgcca taataggagg ggaaaatcac cccccagcca cctcggggaal 1440
 ctccagacca aggttgaggg cgcctttccc tcaggactgg gtgtgaccag aggaaaagga 1500
40 agtgcccaac atctccagc ctccccaggt gccccctca ccttgatggg tgcgttccc 1560
 cagaccaaaag agagtgtgac tcccttgcca gctccagagt gggggggctg tcccaggggg 1620
 caagaagggt tgcaggggc cagtgaacaa atcattgggg tttgtagtcc caacttgctg 1680
 ctgtcaccac caaactcaat cattttttt ccttgtaaat gccccctccc cagctgctgc 1740
 cttcatattg aaggtttttg agttttgtt ttggtcttaa ttttctccc cgttcccttt 1800
45 tttctcttct gtttctgtt tctaccgtcc ttgtcataac tttgtgttg agggaacctg 1860
 tttcactatg gcctcctttg cccaagttag aacaggggcc catcatcatg tctgtttcca 1920
 gaacagtgcc ttggtcatcc cacatccccg gaccccgctt gggaccccca agctgtgtcc 1980
 tatgaagggt tgtgggtgga ggtagtgaag agggcggtg ttggtgtgtg aaccagaaaa 2040
 cggacgccgg tgcctggagg ggttcttaaa ttatatttaa aaaagtaact ttttgtataa 2100
50 ataaaaagaa atgggacgtg tacaagctcc agggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaactcg 2160
 agactagtcc

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2264 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure



(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:87:

```
20 gccccagcca ccagctactg tgtggagtgc tgggagcctc tgtgtgagac ctgtgtagag 60
gcgggccaaag cccgccccaaa aagggggccgg ggtgaagtac accaaggacc atactgtgcg 120
ctctactggg ccagccaagt ctcgggatgg tgaacgtact gtctattgca acgtacacaa 180
gcatgaaccc cttgtgctgt tttgtgagag ctgtgatact ctcacctgcc gagactgcca 240
25 gctcaatgcc cacaaggacc accagtacca gttcttagag gatgcagtga ggaaccagcg 300
caagtcctgg cctcactggg gaagcgcctt ggggacaaac atgcaacatt gcagaagagc 360
accaaggagg ttcgcagctc aatccgccag gtgtctgacg tacagaagcg tgtgcaagtg 420
gatgtcaaga tggccatcct gcagatcatg aaggagctga ataagcgggg ccgtgtgctg 480
gtcaatgatg cccagaaggt gactgagggg cagcaggagc gcctggagcg gcagcactgg 540
30 accatgacca agatccagaa gcaccaggag cacattctgc gctttgcctc ttgggctctg 600
gagagtgaaca acaacacagc ccttttgctt tctaagaagt tgatctactt ccagctgcac 660
cgggccctca agatgattgt ggatcccgtg gagccacatg gcgagatgaa gtttcagtgg 720
gacctcaatg cctggaccaaa gagtgcgag gcctttggca agattgtggc agagcgtcct 780
ggcactaact caacaggccc tgcacccatg gcccctccaa gagccccagg gcccctgagc 840
35 aagcagggct ctggcagcag ccagcccatg gaggtgcagg aaggctatgg ctttgggtca 900
ggagatgatc cctactcaag tgcagagccc catgtgtcag gtgtgaaacg gtcccgtcca 960
ggtgagggcg aggtgagcgg ccttatgcgc aaggtgccac gagtgaacct tgaacgcctg1020
gacctggacc tcacagctga cagccagcca cccgtcttca aggtcttccc aggcagtacc1080
actgaggact acaaccttat tgttattgaa cgtggcgctg ccgctgcagc taccggccag1140
40 ccagggactg cgctgcagg aacccctggg gccccacccc tggctggcat ggccattgtc1200
aaggaggagg agacggaggc tgccattgga gcccctccta ctgccactga gggccctgag1260
accaaacctg tgcttatggc tcttgcgagg ggtcctgggt ctgagggtcc ccgcctggcc1320
tcacctagtg gcagcaccag ctcagggctg gaggtgggtg ctctgaggg tacctcagcc1380
ccaggtggtg gcccgggaac cctggatgac agtgccacca tttgccgtgt ctgccagaag1440
45 ccaggcgatc tggttatgtg caaccagtgt gaggtttgtt tccacctgga ctgtcacctg1500
ccggccctgc aggatgtacc aggggaggag tggagctgct cactctgcca tgtgctccct1560
gacctgaagg aggaggatgg cagcctcagc ctggatgggt cagacagcac tggcgtggtg1620
gccaaagctc caccagccaa ccagcggaaa tgtgagcgtg tactgctggc cctattctgt1680
cacgaacctt gccgccccct gcacagctg gctaccgact ccaccttctc cctggaccag1740
50 cccggtggca ccctggatct gacctgatc cgtgcccgcc tccaggagaa gttgtcacct1800
ccctacaagt ccccaagga gtttgcccag gatgtggggc gcatgttcaa gcaattcaac1860
aagttaactg aggacaaggc agacgtgcag tccatcatcg gcctgcagcg cttcttcgag1920
acgcgcatga acgaggcctt cggtagacac aagttctctg ctgtgctggt ggagcccccg1980
ccgatgagcc tgcctgggtg tggcctgagt tcccaggagc tgtctgggtg ccctgggtgat2040
55 ggcccctgag gctggagccc ccattggccag cccagcctgg ctctgttctc tgcctgtca2100
ccccatcccc actcccctgg tggcctgact cccactccct ggtggcccca tccccagtt2160
cctcacgata tggtttttac ttctgtggat ttaataaaaaa cttcaccagt taaaaaaaaa2220
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 2264
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1270 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:89:

tttttttctc gacaagatgg ccacaccggc ggtaccagta agtgctcctc cggccacgcc 60  
 aaccccagtc ccggcgggcg cccagcctc agttccagcg ccaacgccag caccggctgc 120  
 30 ggetccgggt cccgctgctg ctccagcctc atcctcagac cctgcggcag cagcggctgc 180  
 aactgccggt cctggccaga ccccgccctc agcgcaagtc cagcgagac cccagcggcc 240  
 gctctgcctg gtctgtctct tccagggccc tccccggcg gccgctggt caggctgcac 300  
 ccagtcattt tggcctccat tgtggacagc tacgagagac gcaacgaggg tgctgcccga 360  
 gttatcggga ccctgttggg aactgtcgac aaacactcag tggaggtcac caattgcttt 420  
 35 tcagtgcgcg acaatgagtc agaagatgaa gtggctgttg acatggaatt tgctaagaat 480  
 atgtatgaac tgcataaaaa agtttctcca aatgagctca tcctgggctg gtacgctacg 540  
 ggccatgaca tcacagagca ctctgtgctg atccatgagt actacagccg agaggccccc 600  
 aaccccatcc acctcactgt ggacacaagt ctccagaacg gccgcatgag catcaaagcc 660  
 tacgtcagca ctttaatggg agtcctggg aggaccatgg gagtgatgtt cagcctctg 720  
 40 acagtgaat acgcgtacta cgacactgaa cgcacggag ttgacctgat catgaagacc 780  
 tgcttttagcc ccaacagagt gattggactc tcaagtgact tgcagcaagt aggaggggca 840  
 tcagctcgca tccaggatgc cctgagtaca gtgttgcaat atgcagagga tgtactgtct 900  
 ggaaagggtg cagctgacaa tactgtgggc cgcttcctga tgagcctggt taaccaagta 960  
 ccgaaaatag ttcccgatga ctttgagacc atgctcaaca gcaacatcaa tgaccttttg1020  
 45 atggtgacct acctggccaa cctcacacag tcacagattg cactcaatga aaaacttgtal080  
 aacctgtgaa tggaccccaa gcagtacact tgctgtgcta ggtattaacc ccaggactcal140  
 gaagtgaagg agaaatgggt tttttgtggt cttgagtcac actgagatag tcagttgtgt1200  
 gtgactctaa taaacggagc ctaccttttg taaatttaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1260  
 50 aaaagaacgg 1270

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2863 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:90:

```
gccacgggtc ataatgatcg tgacagatgg gagacctcag gactccgtgg ccgagggtggc 60
tgctaaggca cgggacacgg gcatcctaata ctttgccatt ggtgtggggc aggtagactt 120
caacaccttg aagtccattg ggagtgagcc ccatgaggac catgtcttcc ttgtggccaa 180
25 tttcagccag attgagacgc tgacctccgt gttccagaag aagttgtgca cggcccacat 240
gtgcagcacc ctggagcata actgtgccca cttctgcatc aacatccctg gctcatacgt 300
ctgcaggtgc aaacaaggct acattctcaa ctccggatcag acgacttgca gaatccagga 360
tctgtgtgcc atggaggacc acaactgtga gcagctctgt gtgaatgtgc cgggctcctt 420
cgtctgccag tgctacagtg gctacgccct ggctgaggat gggaaagggt gtgtggctgt 480
30 ggactactgt gcctcagaaa accacggatg tgaacatgag tgtgtaaatg ctgatggctc 540
ctacctttgc cagtgccatg aaggatttgc tcttaaccca gataaaaaaa cgtgcacaaa 600
gatagactac tgtgcctcat ctaatcacgg atgtcagcac gagtgtgtta acacagatga 660
ttcctattcc tgccactgcc tgaagagggt taccctgaat ccagataaga aaacctgcag 720
aaggatcaac tactgtgcac tgaacaaaac gggctgtgag catgagtgcg tcaacatgga 780
35 ggagagctac tactgccgct gccaccgtgg ctacactctg gaccccaatg gcaaaacctg 840
cagccgagtg gaccactgtg cacagcagga ccatggctgt gagcagctgt gtctgaacac 900
ggaggattcc ttcgtctgcc agtgctcaga aggtctcctc atcaacgagg acctcaagac 960
ctgctcccgg gtggattact gcctgctgag tgaccatggt tgtgaatact cctgtgtcaal1020
catggacaga tcccttgccct gtcagtgtcc tgagggacac gtgctccgca gcgatgggaal1080
40 gacgtgtgca aaattggact cttgtgctct gggggaccac ggttgtgaac attcgtgtgtl1140
aagcagtga gattcgtttg tgtgccagt ctttgaagg ttatatactcc gtgaagatgg1200
aaaaacctgc agaaggaaag atgtctgcca agctatagac catggctgtg aacacattt1260
tgtgaacagt gacgactcat acacgtgcga gtgcttgag ggattccggc tcgctgaggal1320
tgggaaacgc tgccgaagga aggatgtctg caaatcaacc caccatggct gcgaacacat1380
45 ttgtgttaat aatgggaatt cctacatctg caaatgctca gagggatttg ttctagctgal1440
ggacggaaga cggtgcaaga aatgcaactg aggcccaatt gacctggtct ttgtgatcgal1500
tgatccaag agtcttgag aagagaattt tgaggtcgtg aagcagttt tcaactggaat1560
tatagattcc ttgacaattt ccccccaggc cgctcgagt gggctgctcc agtattccac1620
acaggtccac acagagttca ctctgagaaa cttcaactca gccaaagaca tgaaaaaagc1680
50 cgtggcccac atgaaataca tgggaaagg ctctatgact gggctggccc tgaaacacat1740
gtttgagaga agttttaccc aaggagaagg ggccaggccc ctttcacaa ggggtgccag1800
agcagccatt gtgttcaccg acggacgggc tcaggatgac gtctccgagt gggccagtaal1860
agccaaggcc aatggtatca ctatgtatgc tgttggggtg gaaaaagcca ttgaggaggal1920
actacaagag attgcctctg agcccacaaa caagcatctc ttctatgccg aagacttcag1980
55 cacaatggat gagataagtg aaaaactcaa gaaaggcatc tgtgaagctc tagaagactc2040
cgatggaaga caggactctc cagcagggga actgccaaaa acggtccaac agccaacagt2100
gcaacacaga tatctgtttg aagaagacaa tcttttacgg tctacacaaa agctttccca2160
ttcaacaaaa ccttcaggaa gcccttttga agaaaaacac gatcaatgca aatgtgaaaa2220
```

```

ccttataatg ttccagaacc ttgcaaacga agaagtaaga aaattaacac agcgcttaga2280
agaaatgaca cagagaatgg aagccctgga aaatcgctg agatacagat gaagattaga2340
aatcgcgaca catttgtagt cattgtatca cggattacaa tgaacgcagt gcagagcccc2400
aaagctcagg ctattgttaa atcaataatg ttgtgaagta aaacaatcag tactgagaaa2460
5 cctgggttgc cacagaacaa agacaagaag tataactaa cttgtataaa tttatctagg2520
aaaaaaatcc ttcagaattc taagatgaat ttaccagggtg agaatgaata agctatgcaa2580
ggatttttgc aatatactgt ggacacaact tgcttctgcc tcatcctgcc ttagtggtgca2640
atctcatttg actatacgat aaagtttgca cagtcttact tctgtagaac actggccata2700
ggaaatgctg tttttttgta ctggacttta ccttgatata tgtatatgga tgtatgcata2760
10 aaatcatagg acatatgtac ttgtggaaca agttggattt tttatacaat attaaaattc2820
accacttcag agaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 2863

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:92:

```

ggccgatcgg ttagacctgg aggagctgag caaagatgag gccagtgaga tggagaaggc 60
40 tgtggagtcg gtggttcggg agagcctgag caggcaacgc agcccagcgc ctggcagccc 120
agatgaggaa ggtggagcgg aggccccggc tgctggcatt cgcttcaggc cttgggccac 180
ccgggagctg tacatccctt caggcgagag cgaggttgct ggtggggcct ctcacagctc 240
gggacagcgc actccccagg gccagtgct gccactgtg gaggtcagca gcccacagg 300
ctttgcccag tcacagggtc tggaggatgt gagccaggct gcaaggcaca taaaactcgg 360
45 cccctctgaa gtctggagga ctgagcgaat gtcatatgaa ggaccactg cagaagtgg 420
ggagatggat gtgagtaacg tagaggcgat ccgcagccgg acacaggaag cgggagctct 480
cgggtgtgct gaccgtggtt cctggagaga cgcgacagt agaatgacc aggcagttgg 540
tgtgagcttt aaggcctctg ctggggaagg agaccaggcc cacagagaac agggcaagg 600
gcaggccatg tttgataaga aggtgcagct ccagagaatg gtagaccaa ggtcgggtgat 660
50 ttcagatgaa aagaaagtgg ccctcctcta tctagacaat gaggaggagg agaatgatgg 720
gcatttggtt taataagcag aaacattttg ttttaatggc agcctgttgg cgacgtgcca 780
acatccaaag gccttaactt attttaagag gccgagggag tctatgaaaa tctccccttt 840
tttacttttt taaagagtac tcccggcatg gtcaatttcc tttatagtta atccgtaaa 900
gtttccagtt aattcatgcc ttaaaaggca ctgcaatttt atttttgagt tgggactttt 960
55 acaaaacact tttttccctg gagtcttctc tccacttctg gagatgaatt tctatgtttt 1020
gcacctggtc acagacatgg cttgcacatg tttgaaacta caattaatta tagatgtcaa 1080
aacattaacc agattaaaat aatatattta agagtaaatt ttgcttgcac gtgctaatat 1140

```

```

gaaataacag actaacat ttaggggaaaa ataaatacaa tttagactct aaaaagtctt1200
ttcaaaaaga aatgggaaat aggcagactg tttatgttaa aaaaattctt gctaaatgat1260
ttcatcttta ggaaaaaatt acttgccata tagagctaaa tcatcttaa gacttgaatg1320
aattgctttc tatgtacaga actttaacac atatagtatt tatggcgagg acagctgtag1380
5 tctgttgtga ttttcacat tctatttgca cagggtccct ggcaactgga gggtagatga1440
ttattgggaa tcgcttacag taccatttca ttttttgga ctaggtcatt aagtagcaca1500
cagctcgaat gcccttttct ggagtggcca gttcctatca gactgtgcag acttgcgctt1560
ctctgcacct tatcccttag caccacaaca tttatttca ctggtgggag gtagacctgt1620
aagacaatga agagaatgcc gatactcaga ctgcagctgg accggcaagc tggctgtgtal1680
10 caggaaaatt ggaagcacac agtggactgt gcctcttaa gatgccttcc ccaaccctcc1740
attcatggga tgcaggctct tctgagctca aggtgaaag atgaatacaa taacaaccat1800
gaacccacct cacggaagct tttttgcaac agtcattgca gttggggtgt1860
tttgtccagg gaaacagttt attaaataga aggatgtttt ggggaaggaa ctggatatct1920
ctctgcagc ccagcaccca gatacccagg acgggcctgg ggggcgagaa agggcccat1980
15 gctcatgggc cgcggagtgt ggacctgtag ataggacca ccgagtttaa gatactggga2040
tgagcatgct tcattggatt cattttattt tacacgtcag tattgtttta aagtttctgt2100
ctgtaaagtg tagcatcata tataaaaaga gtttcgctag cagcgcat tttttagtct2160
aggctagctt ctttcacata atgctgtctc agctgtattt ccagtaacac agcatcatcg2220
cactgactgt ggcgcactgg ggaataacag tctgagctag caccaccctc agccaggcta2280
20 caacgacagc actggagggt cttccctctc agattcacct ggaggccctc agacccccag2340
gggtgcagtc tcccaggtc ctgggagtgg ctaccgcagt agtttctgga gagcacgttt2400
tcttcattga taagtggagg agaaatgcag cacagctttc aagatactat tttaaaaaca2460
ccatgaatca gatagggaaa gaaagtgtat tggaaatgga agtttaaac tttgttgtcc2520
atctgccaaa tgaactagt attgtcagac tggatggag gtgactgctt tgtaagggtt2580
25 tgtcgtttct aatacagaca gagatgtgct gattttgttt tagctgtaac aggtaatggt2640
ttttggatag atgattgact ggtgagaatt tggcaagggt gacagcctcc tgtctgatga2700
caggacagac tgggtgtgag gagtctaagt gggctcagtt tgatgtcagt gtctgggctc2760
atgacttgta aatggaagct gatgtgaaca ggtaattaat attatgacct acttctattt2820
actttgggaa atatcttgga tcttaattat catctgcaag tttcaagaag tattctgccg2880
30 aaagtattta caagtatgga ctcatgagct attgttggtt gctaaatgtg aatcacgcgg2940
gagtgagtgt gcccttcaca ctgtgacatt gtgacattgt gacaagctcc atgtccttta3000
aatcagtcac ctctgcacac aagagaaatc aacttcgtgg ttggatgggg ccggaacaca3060
accagtcctt ttgtatttat tgttactgag acaaaacagt actcactgag tgtttttcag3120
tttccctactg gtggttttga tattgtttgt ttaagatgta tatttagaat gacatcatct3180
35 aagaagctga ttttgctaaa ctctgttcc ctacaatggg aaatgtcaca agaatgtgca3240
aaaataaaaa tctgaggaaa aaacccaaaa aattcctaaa gagaatg 3287

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2786 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:94:

```

5 aggccttggg cgggtgtggaa ggcattctgg gacacacact ctttaagggc actgacttcc 60
 ctacctggga ggggcttttc taggagaagg ccagtggtt tgaggaaatct atgaagtga 120
 agaagctaac taatgctcag cgatcaggac tgaaccagat tcccaatcgt agattcacc 180
 tctggtggtc cccgaccatt aatcgagcca atgtatatgt aggctttcag gtgcagctag 240
10 acctgacggg tatcttcatt caccgcaaga tccccacgct gaagatctct ctcattccaga 300
 tcttccgagc tcacttgtgg cagaagatcc atgagagcat tgttatggac ttatgtcagg 360
 tgtttgacca ggaacttgat gcactggaaa ttgagacagt acaaaaggag acaatccatc 420
 cccgaaagtc atataagatg aactcttcct gtgcagatat cctgctcttt gcctcctata 480
 agtggaaatg tccccggccc tcattgctgg ctgactccaa ggatgtgatg gacagcacca 540
15 ccaccagaaa atactggatt gacatccagt tgcgctgggg ggactatgat tcccacgaca 600
 ttgagcgcta cggccggggc aagtctctgg actacaccac cgacaacatg agtatctacc 660
 cttcgcccac aggtgtactc atcgccattg acctggccta taacttgcat agtgcctatg 720
 gaaactgggt cccaggcagc aagcctctca tacaacaggc catggccaag atcatgaagg 780
 caaacctcgc cctgtatgtg ttacgtgaac ggatccgcaa ggggctacag ctctattcat 840
20 ctgaacccac tgagccttat ttgtcttctc agaactatgg tgagctcttc tccaaccaga 900
 ttatctgggt tgtggatgac accaacgtct acagagtga tattcacaag accttgaag 960
 ggaacttgac aaccaagccc atcaacggag ccattctcat cttcaaccca cgcacagggc 1020
 agctgttcct caagataatc cacacgtccg tgtgggctgg acagaagcgt ttggggcagt 1080
 tggctaagtg gaagacagct gaggaggtgg ccgcccctgat ccgatctctg cctgtggagg 1140
25 agcagcccaa gcagatcatt gtcaccagga agggcatgct ggaccactg gagtgactc 1200
 tactggactt cccaatatt gtcacaaag gatcggagct ccaactccct ttccaggcgt 1260
 gtctcaaggt gaaaaaattc ggggatctca tccttaaagc cactgagccc cagatggttc 1320
 tcttcaacct ctatgacgac tggctcaaga ctatttcac ttacacggcc ttctcccgct 1380
 tcactctgat tctgcgtgcc ctacatgtga acaacgatcg ggcaaaagtg atcctgaagc 1440
30 cagacaagac tactattaca gaaccacacc acatctggcc cactctgact gacgaagaat 1500
 ggatcaaggt cgaggtgcag ctcaaggatc tgatcttggc tgactacggc aagaaaaaca 1560
 atgtgaacgt ggcatactg acacaatcag aaattcgaga catcatcctg ggtatggaga 1620
 tctcggcacc gtcacagcag cggcagcaga tcgctgagat cgagaagcag accaaggaa 1680
 aatcgagct gacggcaaca cagactcgca ctgtcaacaa gcatggcgat gagatcatc 1740
35 cctccaccac cagcaactat gagaccaga ctttctcatc caagactgag tggagggtc 1800
 gggccatctc tgctgccaac ctgcacctaa ggaccaatca catctatgtt tcatctgac 1860
 acatcaagga gactggctac acctacatcc ttcccaagaa tgtgcttaag aagttcatc 1920
 gcatatctga ccttcggggc caaattgcag gatacctata tggggtgagc ccaccagata 1980
 acccccaggt gaaggagatc cgctgcattg tgatggtgcc gcagtggggc actcaccaga 2040
40 ccgtgcacct gcctggccag ctgccccagc atgagtacct caaggagatg gaacccttag 2100
 gttggatcca cactcagccc aatgagtcct cgcagttatc accccaggat gtcaccaccc 2160
 atgccaagat catggctgac aacccatctt gggatggcga gaagaccatt atcatcacat 2220
 gcagcttcac gccaggctcc tgtacactga cggcctacaa gctgaccccc agtggctacg 2280
 aatggggccg ccagaacaca gacaagggca acaaccccaa gggctacctg ccttcacact 2340
45 atgagagggt gcagatgctg ctgtcggacc gtttctcttg cttcttcattg gtccctgccc 2400
 agtcctcgtg gaactacaac ttcatgggtg ttcggcatag ccccaacatg aaatatgagc 2460
 tacagctggc gaaccccaaa gatttctacc acgaggtgca caggccctct cacttctca 2520
 actttgctct cctgcaggag ggggaggttt actctgcgga tcgggaggac ctgtatgcct 2580
 gaccgtttcc ctgcctcctg cttcagcctc ccgaggccga agcctcagcc cctccagaca 2640
50 ggccgctgac attcagcagt ttggcctctt tccctctgtc tgtgcttgtg ttgttgacct 2700
 cctgatggct tgtcatcctg aataaaatat aataataaat tttgtataaa taggaaaaaa 2760
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2125 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

60

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:95:

```

20 gcatggtgtg aaaggccaag tgctgaggcg ggtatcatgg gtgctgtgcc ctagggcctg 60
 ggtggcaggg ggtgggtggc ctgtgggtgt gccggggggg ccagtgtgcc caccgccagtc 120
 tcttggcgtg ctggagggca tcctggatgg aattgaagtg aatggaacag aagccaagca 180
 aggtggagtg tgggtcagac ccagaggaga acagtgccag gtcaccagat ggaaagcgaa 240
 aaagaaagaa cggccaatgt tccctgaaaa ccagcatgtc agggatatc cctagttacc 300
25 tggacaaaga cgaacagtgt gtcgtgtgtg gggacaaggc aactgggtat cactaccgct 360
 gtatcacttg tgagggtgtc aagggttctt ttcgccgcac aatccagaag aacctccatc 420
 ccacctattc ctgcaaatat gacagctgct gtgtcattga caagatcacc cgcaatcagt 480
 gccagctgtg ccgcttcaag aagtgcacgc ccgtgggcat ggccatggac ttggttctag 540
 atgactcgaa gcgggtggcc aagcgttaact gattgagcag aaccgggagc ggcggcgga 600
30 ggaggagatg atccgatcac tgcagcagcg accagagccc actcctgaag agtgggatct 660
 gatccacatt gccacagagg cccatcgcag caccaatgcc cagggcagcc attggaacaa 720
 gaggcggaaa ttcctgcccg atgacattgg ccagtcaccc attgtctcca tgccggacgg 780
 agacaagggt gacctggaag ccttcagcga gttaccaag atcatcacc cgccatcac 840
 ccgtgtggtg gactttgcc aaaaactgcc catgttctcc gagctgcctt gcgaagacca 900
35 gatcatcctc ctgaagggtg gctgcatgga gatcatgtcc ctgcgggagg ctgtccgcta 960
 cgaccctgag agcgacaccc tgacgtgtag tggggagatg gctgtcaagc gggagcagct 1020
 caagaatggc ggccctggcg tagtctccga cgccatcttt gaactgggca agtcaactct 1080
 tgcccttaac ctggatgaca cggaagtggc tctgctgcag gctgtgctgc taatgtcaac 1140
 agaccgctcg ggccctgctg gtgtggacaa gatcgagaag agtcaggagg cgtacctgtc 1200
40 ggcggttcgag cactacgtca accaccgcaa acacaacatt ccgcacttct ggcccaagct 1260
 gctgatgaag gagagagaag tgcagagttc gattctgtac aagggggcag cggcagaagg 1320
 ccggccgggc gggtcactgg gcgtccaccc ggaaggacag cagcttctcg gaatgcatgt 1380
 tggtcagggt ccgcaggtcc ggcagcttga gcagcagctt ggtgaagcgg gaagtctcca 1440
 agggccgggt cttcagcacc agagcccgaa gagcccgcag cagcgtctcc tggagctgct 1500
45 ccaccgaagc ggaattctcc atgcccagc ggtctgtggg gaagacgaca gcagtgaaggc 1560
 ggactccccg agctcctctg aggaggaacc ggaggtctgc gaggaacctg caggcaatgc 1620
 agcctctccc tgaagcccc cagaaggccg atggggaagg agaaggagtg ccataccttc 1680
 tcccaggcct ctgccccaa agcaggaggt gcctgaaagc tgggagcgtg ggctcagcag 1740
 ggctggtcac ctcccatccc gtaagaccac ctccctctcc tcagcaggcc aaacatggcc 1800
50 agactccctt gctttttgct gtgtagtctc ctctgcctgg gatgcccttc ccctttctct 1860
 tgcctggcaa catcttactt gtcctttgag gccccaactc aagtgtcacc tccttcccc 1920
 gtcctccagc gcagaaatag ttgtctgtgc ttccttggtt catgcttcta ctgtgacact 1980
 tatctcactg ttttataatt agtcgggcat gactctgttt cccaagctag actgtgtctg 2040
 aatcatgtct gtatccccag tgcccggtgc agggcctggc atagagtagg tactccataa 2100
55 aagggtgtgt gaattgaaaa aaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1910 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:96:

```

25 acgccttccg cggaggagag caaaacggcg cgcaggccgg gcgcacccac gccacttcc 60
 gagagcgccg gccgcccctg cgccgcccag ccagctgccg gaatgccgaa ctggggagga 120
 ggcaagaaat gtggggtgtg tcagaagacg gtttactttg ccgaagaggt tcagtgcgaa 180
 ggcaacagct tccataaatc ctgcttcctg tgcatgggtct gcaagaagaa tctggacagt 240
 accactgtgg ccgtgcatgg tgaggagatt tactgcaagt cctgctacgg caagaagtat 300
30 gggcccaaaag gctatggcta cgggcagggc gcaggcaccc tcagcactga caagggggag 360
 tcgctgggta tcaagcacga ggaagcccct ggccacaggc ccaccaccaa cccaatgca 420
 tccaaatttg ccagaagat tgggtggctcc gagcgctgcc ccgatgcag ccaggcagtc 480
 tatgctgctg agaaggtgat tgggtgctgg aagtcctggc ataaggcctg ctttcgatgt 540
 gccaaagtgt gcaaaggcct tgagtcaacc acctggcag acaaggatgg cgagatttac 600
35 tgcaaaggat gttatgctaa aaacttcggg cccaagggct ttggttttgg gcaaggagct 660
 ggggccttgg tccactctga gtgaggccac catcacccac cacaccctgc cactcctgc 720
 gcttttcatc gccattccat tcccagcagc tttggagacc tccaggatta tttctctgtc 780
 agccctgccg catatcacta atgacttgaa cttgggcacg tggctccctt tgggttgggg 840
 gtctgcctga ggtcccaccc cactaaaggc ctcccaggc ctgggatctg acaccatcac 900
40 cagtaggaga cctcagtgtt ttgggtctag gtgagagcag gcccctctcc ccacacctcg 960
 cccacagag ctctgttctt agcctcctgt gctgcgtgtc catcatcagc tgaccaagac1020
 acctgaggac acatcttggc acccagagga gcagcagcaa caggctggag ggagagggaa1080
 gcaagaccaa gatgaggagg ggggaaggct ggggtttttg gatctcagag attctcctct1140
 gtgggaaaga ggttgagctt cctgggtgtc ctcagagtaa gcctgaggag tcccagctta1200
45 gggagtcaat attggaggca gagaggcatg caggcggggg cctaggagcc cctgcttctc1260
 caggcctctt gcctttgagt ctttgtggaa tggatagcct ccactagga ctgggaggag1320
 aataacccag gtcttaagga ccccaaagtc aggatgttgt ttgatcttct caaacatcta1380
 gttccctgct tgatgggagg atcctaataa aatacctgaa acatatattg gcatttatca1440
 atggctcaaa tcttcattta tctctggcct taacctggc tcctgaggct gcggccagca1500
50 gagcccaggc cagggtctct ttcttgccac acctgcttga tcctcagatg tggagggagg1560
 taggcaactg ctcagtcttc atccaaacac ctttcccttt gccctgagac ctcaagaatct1620
 tccctttaac ccaagaccct gcctcttcca ctccaccctt ctccagggac ccttagatca1680
 catcactcca ccctgccag gcccagggtt aggaatagtg gtgggaggaa ggggaaagg1740
 ctgggcctca ccgtcccag caactgaaag gacaacacta tctggagcca cccactgaaa1800
55 gggctgcagg catgggctgt acccaagctg atttctcatc tggtaataa agctgtttag1860
 accagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg tagagaggca aaaaaggggg 1910

```



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1615 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:97:

ggcagggact ctgatttggt ggtccgcgct gcccgcgcg tggtctggtc cgggggtcggg 60  
 aaggagtagg tgatgggtgc agagggcagg gagctgcct ggtgacagg ctgtgccccg 120  
 taggagcagt gccaggtga aggatgcccc tggctcctcca gggcactgac ttgccccctt 180  
 30 tttcccgctg atagtcattg ctccagaggtg cttgtaaatg tcttgggaag aggtttctgt 240  
 aaccctgccc ctggtgtgag gaggaatgg ctctggcctg gctgcctggc cgtggcttct 300  
 ctttgggtcc caaagagaag gacagtgttg ggagtatctg ccgtggcttc tctttggctc 360  
 ccaaagagaa ggacagtgtt gggagtatct gccggcgctg tccaggtcct ttagtcagcg 420  
 tcaactccatc tgatgtgcag aagctgggct gcacctgcgg gggtgggcat agaccgggct 480  
 35 ggggtctgcag cagccccctg tcttgagcag gcggcagtga acagcactgg cccacctccc 540  
 actcacagcc cctctgtccc ctctgcagtg caccaggtg ggccccctctg cgtgcctttg 600  
 ggtgctcccc tctcgtgggc gttctggccc gaggccctta gagtatggag gctgagccag 660  
 gccttgggtt tccccagcac agcctcctgt cgctgcattg gacgtgttg gatttttga 720  
 tgaagactc tcccacgctc tgttgggtga cttagctgcc tcaactggaag tgatgtgggt 780  
 40 ggaaggtggt tgatgtttac cttttccacc tctcattggt ttccccagaa cattgtatag 840  
 gggggttggt agagggagaa ataagccagc cacggcagtc gcttgggttc ccaggtggaa 900  
 tgggctaaca caggagatga tgggaacctg tcccgcagtc cctgcattgac cattggccct 960  
 gctggcctgg cgatgtgggc atcctggggt tcttagggtc ccagaacaag cccaggcaal1020  
 gctggaactt ggggtgggag gggacatgag gaggataaac agctgactgt ggcttcaagg1080  
 45 acatcagggc caccccaagt cctcagtgct ctactcctgg caaggagtgt gggttggtatc1140  
 aaaagtgtt aaaattaata tgtgtcagc gattagaaca aactgttta cataaaaaacc1200  
 atttttctaa ttctaacaag ttagaatgtg aggaaggaat gaacatgagt gtttaggaac1260  
 ctgccctttg gtgctgggct ggcgtcccgc actggggtgt cctcgctgtc tgggggctgc1320  
 tctgtgccc cggcccaggt cccctgtgtg tgttgccaga cgggcctcat ggtctgctgt1380  
 50 gcagagagag gcaggaagga tccctgaaga gtcttgagaa aaaggttctg tgccctcagg1440  
 tggggcttac cccctcgtat ttataatctt attttatata gtgaccaccg tggaacaaaa1500  
 cgcctcttgt attgtcatgt acatagtcca tacctgagtg ctgtacataa gttgttctgt1560  
 gtataaataa aacaagcctg tttttgatct tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1615

55

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1669 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:98:

```

25 gaaaggcgga agtggaggcc ggagcctggg acaccgccgg cggggagaga agcggatccc 60
gtccgagccc cggccccaag taacgccgcc gccccggagc cgccttgag gtccccctcc 120
ccactaagtg cctctttgca tagcaccagt ccccaccgac acgctctctg gaccactaca 180
gctggacggg caatggcggg tcggggaggc gcagacgacc caatggacca gctgctggga 240
acaagatctg tcaatttaag ctggttctgc tgggggagtc tgcggtaggc aaatccagcc 300
30 tcgtcctccg ctttgtcaag ggacagtctc acgagtacca ggagagcaca attggagcgg 360
ccttcctcac acagactgtc tgcctggatg acacaacagt caagtttgag atctgggaca 420
cagctggaca ggagcggatc cacagcctgg ccccatgta ctatcggggg gccaggctg 480
ccatcgtggt ctatgacatc accaacaacg atacatttgc acgggccaaag aactgggtga 540
aggagctaca gaggcaggcc agccccaaca tcgtcattgc actcgcgggt aacaaggcag 600
35 acctggccag caagagagcc gtggaattcc aggaagcaca agcctatgca gacgacaaca 660
gtttgctggt catggagaca tcagcaaaga ctgcaatgaa cgtgaacgaa atcttcatgg 720
caatagctaa gaagcttccc aagaacgagc cccagaatgc aactggtgct ccaggccgaa 780
accgaggtgt ggacctccag gagaacaacc cagccagccg gagccagtgc tgcagcaact 840
gagccccctt tgcccgcccc ctgccccgac ctctccgccc tgaatgacct gactggaatc 900
40 cactctaacc aatcgactt aacgactcgg gccaccactg ggggggcagg gggaggggtc 960
caccatgatt tctccatata attttgatca taggcgggag tgagtcattc cacctgcacc1020
tttctgtaca aatactaatt caattttaag tcttaagtca cttttttaat atatatgatc1080
ttctgctctt cccacttcct cccctttcta ctgctctccc attttccctt gctgggagta1140
gccacatgct cttgcccccc aacccttgta tatggggaca gtggggtcag tgcagctacc1200
45 ctttctttcc ctctgcgga acagcggacc cagcaagagc atccacatcc tcactttgtt1260
cggagtggtc tttggtttg gcggtggggc agaccttggg aaggggctta ggaaggagaa1320
ggcagctctt ctttcagctg gctctcatca ggctgcagcc cctccccgc tcccacctcc1380
ctgctgggaa accacagcat tatcacagca ttattgtgac agccacgaac ccattgccc1440
caacccctcc accctcggtc accccaacct ctggtctctga gccctgttct gaccaaatac1500
50 tgatgatgag tatttggggg tgggtgggta agggggggag tgggagggga cggaaccaac1560
ttttctgta ttttgtattg tatgttttct tcaacatgta accaatcagt atcttgtca1620
tatagtcagc cgatcgatcg acctcaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1669

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2042 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:100:

25 gtcggcgcta gacgccggcg cgcacgccag ccggggggcg gggcggggcg gcggcactgc 60  
 ggtgaaagcc gaggcagcgg gcagacgagc agggggcggg cggacatctt gggatccgga 120  
 gagtggccgg gccggcagag cagggggccg aggacaccag gtctgttctc agagcgatgg 180  
 gccgcggaga ctgatctgcc gccatgattg gaggcttatt catctataat cacaaggggg 240  
 aggtgctcat ctcccagatc taccgagatg acatcgggag gaacgcagtg gatgcctttc 300  
 gggctcaatgt tatccatgcc cggcagcagg tgcgcagccc gtccaacaac ttgctcgcac 360  
 30 cagcttcttc cacgttaagc ggtccaacat ttggctggca gcagtacca agcagaatgt 420  
 caacgctgcc atggctcttc aattcctcta taagatgtgt gacgtgatgg ctgcctactt 480  
 tggcaagatc agcgaggaaa acatcaagaa caattttgtg ctcatatatg agctgctgga 540  
 tgagattcta gactttggct acccacagaa ttccgagaca ggcgcgctga aaaccttcat 600  
 cagcgagcag ggcacaaaga gtcagcatca gacaaaagaa gagcagtcac agatcaccag 660  
 35 ccaggtaaact gggcagattg gctggcgcg agaggggtatc aagtatcgtc ggaatgagct 720  
 ctctctggat gtgctggaga gtgtgaacct gctcatgtcc ccacaagggc aggtgctgag 780  
 tgcccatgtg tcggggccggg ttgtgatgaa gagctacctg agtggcatgc ctgaatgcaa 840  
 gtttgggatg aatgacaaga ttgttattga aaagcagggc aaaggcacag ctgatgaaac 900  
 aagcaagagc gggaaagcaat caattgccat tgatgactgc accttccacc agtgtgtgcg 960  
 40 actcagcaag tttgactctg aacgcagcat cagctttatc ccgccagatg gagagtttga 1020  
 gcttatgagg tatcgacaaa ccaaggacat catccttccc ttccgggtga tcccgctagt 1080  
 gcgagaagtg ggacgcacca aactggaggt caagggtgtc atcaagtcca actttaaaccl 1140  
 ctactgctg gctcagaaga tcgaggtgag gatcccaacc cactgaaca caagcggggt 1200  
 gcaggtgatc tgcataaggg ggaaggccaa gtacaaggcc agcgagaatg ccatcgtgtg 1260  
 45 gaagatcaag cgcataggcg gcatgaagga atcgagatc agcgagaga ttgagcttct 1320  
 gcctaccaac gacaagaaga aatgggctcg accccatt tccatgaact ttgaggtgcl 1380  
 attcgcgccc tctggcctca agtgcgctc cttgaagggt tttgaaccga agctgaacta 1440  
 cagcgaccat gatgtcatca aatgggtgcg ctacattggc cgagtgga tttatgaaac 1500  
 tcgctgctag ctgccactag gcagctagcc cacctcccca gccacctcc tccacaggtc 1560  
 50 caggtgcccc tccctcccc accacacatc agtgtctcct cctcctgct ttgctgcctt 1620  
 ccctttgcac cagcccagat ctaggctctg gccaaagcaca ttacaagtgg gaccgggtgga 1680  
 gcagcccctg ggctccctgg gcaggggagt tctgaggtc ctgctctccc atccacctgt 1740  
 ctgtcctggc ctaatgccag gctctgagtt ctgtgaccaa agccaggtgg gtccctttc 1800  
 cttccacccc ctgtggccac agctctggag tgggaggggt ggttgcccct caccagag 1860  
 55 ctccccaaa ggccagtaat ggatccccgg cctcagtcct tactctgctt tgggatagt 1920  
 tgagcttcat tttgtacacg tgtgacttcc tcagttaca aacccaataa actctgtaga 1980  
 gtggaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2040  
 aa 2042

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- 5 (A) LÄNGE: 725 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 104:

20 TKWDGANVAL KDSQVAQSD GEESPAAEEQ LLGEHIKEEK ESEFLPSSG GTFNISVSGD 60  
IDGLITQALL TGNFESAVDL CLHDNRMADA IILAIAGGQE LLARTQKKYF AKSQSKITRL120  
ITAVVMKNWK EIVESCGLKN WREALAAVLT YAKPDEFSAL CDLLGTRLEN EGDSLLQTQA180  
CLCYICAGNV EKLVAWTKA QDGSHPPLSQ DLIEKVILR KAVQLTQAMD TSTVGVLLAA240  
25 KMSQYANLLA AQGSIAAALA FLPDNTNPN IMQLRDRLCR AQGEPVAGHE SPKIPYEKQQ300  
LPKGRPGPVA GHHQMPRVQT QQYYPHGENP PPGFIMHGN VNPNAAGQLP TSPGHMHTQV360  
PPYPQPQPYQ PAQYPFPGTG GSAMYPQQP VAPPTSNAYP NTPYISSASS YTGSQLYAA420  
QHQAASSPTSS PATSFPPPPS SGASFQHGPP GAPSSSAYA LPPGTTGTLP AASELPASQR480  
TENQSIQDQA PMLEGPQNGW NDPPALNRVP KKKKMPENFM PPVITSPIM NPLGDPQSOM540  
30 LQQQPSAPVP LSSQSSFPQP HLPGGQPFHG VQQLGQTGM PPSFSKPNIE GAPGAPIGNT600  
FQHVQSLPTK KITKKPIPDE HLILKTTFED LIQRCLSSAT DPQTKRKLDD ASKRLEFLYD660  
KLREQTLSPIT ITSLHNIAR SIETRYNSEG LTMHTHIVST SNFSETSAFM PVLKVVLTQA720  
NKLGV 725

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105 :

- (A) LÄNGE: 476 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 105:

PTPAPAQRFR EGGSGAPEQA ECVELLALG EPAEELCEEF LAHARGRLEK ELRNLEAELG 60  
PSPPAPDVLE FTDHGGSGFV GGLCQVAAAY QELFAAQGPA GAEKLAARFALV120

ERRLAQEQQG GENSLLVRL DRFHRRRLRAP GALLAAAGLA DAATEIVERV ARERLGHHLQ130  
 GLRAAFLGCL TDVRQALAAP RVAGKEGPGL AELLANVASS ILSHIKASLA AVHLFTAKEV240  
 SFSNKPYPFRG EFCSQGVREG LIVGFVHSMC QTAQSFCDSP GEKGGATPPA LLLLLSRLCL300  
 DYETATISYI LTLTDEQFLV QDQFPVTPVS TLCAEARETA RRLTHYVKV QGLVISQMLR360  
 5 KSVETRDWLS TLEPRNVRAV MKRVVEDTTA IDVQVGLLYE EGVRKAQSSD SSKRTFSVYS420  
 SSRQQGRYAP SYTPSAPMDT NLLSNIQKLF SERIDVFSPV EFNKVSVLTG IIKDQP 476

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106 :

10

- (A) LÄNGE: 248 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 106:

QGRESLCQLS AAKGRGGRGP CPTVPAPAPE AEVQALRGPV QCEPDPSSSS SARWSSRPFP 60  
 CRCPARRPRH AVSRLFGRCA ADEQAAYYYQ VLNFGMIVSS ALMIWKGLMV ITGSESPIVV120  
 VLSGSMEPAF HRGDLFLTN RVEDPIRVGE IIVFRIEGRE IPIVHRVLKI HEKQNGHIKF180  
 30 LTKGDNNAVD DRGLYKQGQH WLEKKDVVGR ARGFVPYIGI VTILMNDYPK FKYAVLFLLG240  
 LEVLVHRE 248

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

35

- (A) LÄNGE: 288 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 107:

QDLLLQSAAQ DADSSSALPR SRRFTMVKIA FNTPTAVQKE EARQDVEALL SRTVRTQILT 60  
 GKELRVATQE KEGSSGRCL TLLGLSFILA GLIVGGACIY KYFMPKSTIY RGEMCFDSE120  
 DPANSLRGGE PNFLPVTEEA DIREDDNIAI IDVPVPSPFS SDPAAIHOF EKGMTAYLDL180  
 LLGNCYLMPL NTSIVMPPKN LVELFGKLAS GRYLPQTYV REDLVAVEEI RDVSNLGIFI240

YQLCNNRKSF RLRRRDL LLG FNKRAIDKCW KIRHFPNEFI VETKICQE

288

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (A) LÄNGE: 431 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 108:

20 TCVPARRFGL KLSCLQYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVGVLSLI ATIMLVQVSH 60  
 MVKLTLMLLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLP MVALEQMOGF NPGLNGTDRL120  
 PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVEKL ARTLFLWKIE VHDQKERVYE MRRWNEALVT180  
 NMLPEHVARH FLGSKKRDEE LYSQTYDEIG VMFASLPNFA DFYTEESINN GGIECLRFLN240  
 25 EIISDFDSSL DNPKFRVITK IKTIGSTYMA ASGVTPDVNT NGFASSNKED KSERERWQHL300  
 ADLADFALAM KDTLTNINNO SFNNFMLRIG MNKGGVLAGV IGARKPHYDI WGNTVNVASR360  
 MESTGVMGNI QVVEETQVIL REYGFRFVRR GPIFVKGKGE LLTFFLKGRD KLATFPNGPS420  
 VTLPHQVVDN S 431

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 109:

APRYQKAWPT LASQPAAGGI CHEGSASLAR PAGASFCCHF VERYGFMGVP GTCLCAFAVAV 60  
 CVTLTVPM SH PRPTALRKHL VRTSPHP SCL PSQQR PQRAI YTSRLAPGAL GGHC SVCLLP120  
 50 GLAGLACGAF PGPAWVTRCC HSARSVLTHQ GRWGLVRDAS LRLFPT EGPE SGATCHPRLR180  
 LVTRPPHPVC VYVIVTLNSI H 201

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110 :

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 110:

PLHGKISHPS PETDFRGKET RLLEDQPLLK KGLLRVSTA EQMAWGRQGS LGRGWEGGQR 60  
PGRAPPSGGF GRCVPWCCHQ EPRGRGVGCD SPSLGPPELVI SILRDITHPG QGLVPTLLND120  
LQVAHLDAGG SEVQGSRT 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 111:

VTASRDPGWP WEGATGEACE SREQADATVA PERARCQPRR VNGPLRALLG RKTRRRVRARP 60  
HQVLPECRRRT WVGHGDSGN TNSNECTKTS SRNTHKPITF NKMATKRRPC WPGEAGASFV120  
ADATCSWLAG KRWPSFLVPG SSTA 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112 :

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 112:

10 HLGGLLGTRR VFPYSRRCPN RSAWMLFAS FWIQGRKVLL FKLQLFHLVF FLFFPNLHRW 60  
LFLKSTPFPF VEAAPMAMV PCATSTTLAH AIMTSGRAMP TRWVPCDSSI CSLRDTRVHR120  
IMAEQGGLVP RIS 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113 :

(A) LÄNGE: 412 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 113:

30 GDSWHQPSLF RHDSVDSGVS KGAYAGITGN PSGWHSSSRG HDGMSQSRGG GTGNHRHWNG 60  
SFHSRKGCAF QEKPPMEIRE EKKEDKVEKL QFEEEDFPSL NPEAGKQHQP CRPIGTPSGV120  
WENPPSAKQP SKMLVIKKVS KEDPAAAFSA AFTSPGSHHA NGNKLSSVVP SVYKNLVPKP180  
35 VPPPSKPNW KANRMEHKSG SLSSSRESAF TSPISVTKPV VLASGAALSS PKESPSSTTP240  
PIEISSRLT KLTRRTTDRK SEFLKTLKDD RNGDFSENRD CDKLEDLEDN STPEPKENG2300  
EGCHQNGLAL PVVEEGEVL HSLEAEHRL KAMGWQEYPE NDENCLPLTE DELKEFHMK360  
EQLRRNGFGK NGFLQSRSSS LFSPWRSTCK AEFEDSDTET SSSETSDDDA WK 412

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 114:

5 MLTVKSDPVN SVCLGSIQKK SFFSFSYVVE YFIHKGNNHI PKREQLACFA FVIVLPCYLL 60  
YREKFVWDR FFKHTHTHTH IHTQYIWGDA QVGAGSAGKR RHWSAATAST TSPWGTHPCD120  
QAIIVNDKVT IEVIVLN 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115 :

10

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 115:

GGLSAHFQTG PLAPRGHGED PAIPPHPGIK SHPSWTRPP RMRRMTETS RCTSARAWPR 60  
PGKWRCATLC STTPHCPRPC RPPAHLHCH DLEADRRPPA PRPRGPRGGA GPGASH 116

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116 :

(A) LÄNGE: 212 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

50 PFFFFFRRS EMDFNWLLSL ELPTRSCALR FSMPPPVWGS KPNRRGAGDQ EVSWHKGSGV 60  
SLARGPRAWS PRPSQKHTAS KHVFSGLQA LPLPGGLEVG EQVGVCLPPG HGSAGGELGA120  
GRGADSAAWS NRGLRTSISP VGARPGHSYT VKSPSSFSSS EEAVSSSLGG SLCLGGGGSL180  
GPPHALEVPV AQSGSGHSAH LSPGVAGEHS PG 212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

20 NYPPVPALYG SPCPLQFGGL NRTGEVQGR RCPGTVKVRGS PWQGVPGPGA RGPASTQHQ 60  
NMFLVGSSRP CSPGASRSG SRWASVCLQV MAVQAVSWGK AGARTVRRGR TEGCAPPFPR120  
SGPGPGTRTP 130

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- 25 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 118:

40 SSLWSLEPGK CVLVNLSKVG EYWWNAILEG EEPIDIDKIN KERSMATVDE EEQAVLDRLT 60  
FDYHQKLQ GK PQSHELVHE MLKKGWDAEG SPFRGQRFDP AMFNISPGAV QF 112

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119 :

- 45 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 119:

10 LQPRCKDEIM RQVLRPVFQV LTGALGAHRR EYGSAAATGTV HLPVCQAQSM DKPHSRAVHP 60  
GTMHGQQESR PADAKRAYCQ GKVPAHAHSL WILGLWGLSW RVSLWVVSGL QWWLTPLVRK120  
HSWEVFCGSK HVAPIITGEQ KALDTPFGM 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120 :

15

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 120:

TRRAPWNAG SQEGQPRIRL CLPTGEGFLS FWSLKLHSPR GDVEHGRVES LASEGRTFSI 60  
PPLLQHLMDL QLMALWLAQ LLVVVKGKPV QHRLFLLIHG GHGALLVDLV NVDGLFSLQD120  
GVPPILAHLA QVHQNALPGL ETPERT 146

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121 :

(A) LÄNGE: 307 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 121:

5 RLDTLDRVVK PRTKRAKRFL EKREPKLNEN IKNAMLIKGG NANATVTKVL KDVIYALKKPY 60  
 EVLYKKKNIT RPFEDQTSLE FFSKKSDCSL FMFGSHNKKR PNNLVIGRMV DYHVLDMIEL120  
 SIENFVSLKD IKNSKCPEGT KPMLIFAGDD FDVTEDYRRL KSLIDFFRG PTVSNIRLAG180  
 LEYVLHFTAL NGKIYFRSYK LLLKKSQCRT PRIELEEMGP SLDLVLRRTS LASDDLYKLS240  
 MKMPKALKPK KKKNISHDTF GTTYGRIHQ KQDLSKLQTR KMKGLKKRPA ERITEDHEKK300  
 SKRIKKN 307

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122 :

- 10 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 122:

25 SJKGLVIFFF LYSTPYGFFS AYTSLSFTVT VAFAPPLIS MAFLIFSLSF GSLFSRNLLA60  
 LFLVGFTRRS RVSNRYRYLQ LLTRGHARAL GDYVR 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123 :

- 30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 123:

45 LTLTFLGGIK LRNDTGSQES GLFGWILNHN QEIVFIWCNH NFIFLGANSK EGEIVLGVDV 60  
 THGAPCLQDE AVHEAGILGG GGVVHGALDG NAFCVHDDDS LHSLLALQSL QCLLHLCHFR120  
 PIR 123

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124 :

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

15 RRKAQDSLSV RYAGLPDRSE MAEEETLKR LQSQKGVQGI IVVNTGPII KSTMDNPPTT 60  
QYASLMHSFI LKARSTVRDI DPQNDLTFLR IRSKKNEIMV APDKDYFLIV IQNPTE 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

20 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

FRIQPNKPLS WLPVSFLNLM PPKNVNVNHV SGLAHGSRLE PTHTNPVTVC GLAALLPHQR 60  
NPCVHQPSPE LRSALSSLPG FGARACRKPA PSFLLTFSSL CRPWRKLFFF N 111

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(A) LÄNGE: 278 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

5 SKRFLVSSCR KTWQMDVML LDTWDQVFW VGKDSQEEK TEALTSAKRY IETDPANRDR 60  
RTAITVVKQG FEPPSFVGWF LGWDDYGSV VLKTPSAAYL WVG TGASEAE KTGAQELLRV120  
LRAQPVQVAE GSEPDGFWEA LGGKAAARTS PRLKDKKMDA HPPRLFACSN KIGRFVIEEV180  
10 PGELMQEDLA TDDVMLLDTW DQVFVWVGKD SQEEKTEAL TSAKRYIETD PANRDRRTPI240  
TVVKQGFEPF SFVGWFLGWD DDYWSVDPLD RAMAELAA 278

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127 :

15 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

30 IFAGLFLDTV KKKRTNTHQ QSCSARSKAS LREGQFQKAL TGD MGGPCPS SGSQLSHGPV 60  
QGVHRPVIII PAKEPAHKGG RLKALLHHGD GRPPIPIGWV RLDVPLSRQ GFCLEFFLR120  
LSNPKDLVP GVQKHDVIRC QVFLHELTRN LFDHKTSNLV GAGKEARRMG IHLLVLQPWG180  
CAVGSLPAQG LPEAIWLAAF CHLHRLGPQH PEQLLGPRLL CLAGSCTHPQ VGG 233

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128 :

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

TGNLALCIIS HVGKTSTLQL GFQYLAFIYF LAMTLTRFCQ VIKMRAFLRI TYSFRVEWQS60

RRHI

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

- 5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

20 TTWMYFPPSL TELHLDGNKI SRVDAASLKG LNNLAKLGLS FNSISAVDNG SLANTPHLRE 60  
LHLDNNKLTR VPGGLAEHKY IQVVYLHNNN ISVVGSSDFC PPGHNTKKAS YSGVSLFSNP120  
VQYWEIQPST FRCVYVRSAL QLGNYK 146

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

GVLAREPLST AEMLLKLNP LAKLFSPFRL AASTLLILLP SRCNSVREGG KYIQVVYLHN 60  
NNISVVGSSD FCPPGHNTKK ASYSGVSLFS NPVQYWEIQP STFRCVYVRS AIQLGNYK 118

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
50 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

DCPNVQNYII LTLKSCERVA AVSLAHCDFK PKEELLIKDA QPCDQEPPNT GHEETRRGRS 60  
FIKRPFGTPE PGPVFKGDRG ILGPLHLQLA TFGQSFSALG LCF 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

LTKCGQLQVK GPQYPPISLK HRAGKGGSKG PFYERPAPPS FLMASIWRFL ITGLGILDQE60  
FLLGFVETVG KADSSNPFT 79

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136 :

(A) LÄNGE: 235 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:



5 GSQGREGWEG QTLPRQSSHW TGHQTASQGL ALPFPPTPTQ VEGEQLSPEP MLVKVSAQHG 60  
 TNISGEPEGI QHWEQVEKGC VAGVTEPGFD GDGIVWMAV SPWGVQDHN AGEVTVDHRE120  
 VLDVAAQLQS AVLSVISPLK NASAIVQFIC HSRAIDLHAC CKHHQLVPLA HHFQEEIHMGI180  
 PLMYKKPDRM FVYYHLEDEV RRRTRPDCGP QDPIMVGVNK CLIQIQHQDL PLHLG 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 10 (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

25 FFFPPGLGGP HPSPTCLGPQ PAPKPSVPLP AHVGPRGLPT PVPQLPVPLG FTLARGGFLS 60  
 GPLRAPLCSV SCHSGPFCPV PAAGGCPRGA GGAGPRGPRG RRCRVIGMMR TQCLLGLRTF120  
 VAFAAKLWSF FIYLLRRQIR TVIQYQTVRY DILPLSPVSR NRLAQVKRKI LVLDLDETLI180  
 HSHHDGVLRP TVRPGTPPDF ILKVVIDKHP VRFFVHKRPH VDFLEVVSQ WYELVVFTAS240  
 30 MEIYGSAVAD KLDNSRSILK RRYRQHCTL ELGSYIKDLS VVHSDLSSIV ILDNSPGAYR300  
 SHPDNAIPIK SWFSDPSDTA LLNLLPMLDA LRFTADVRSV LSRNLHQHRL W 351

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- 35 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

50 AASSAVMGLI ETTRGLLPGA GGTQRLPRCL GVALAKELIF TGRRLSGTEA HVLGLVNHAV 60  
 AQNEEGDAAY QRARALAEI LPQAPIAVRL GKVAIDRGTE VDIASGMAIE GMCYAQNIPT120  
 RDRLEGMAAF REKRTPKEVG K 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

GVSEN RVSLD ILQSATVLGF QPKAKLRQGR AQRVLRQKLL PLLVQPLAAV VSVTCQNLLP 60  
SFWEYLTLNR AIAVTSQGGQ RAMSSLPILS KSDLSTMFRK KVSLRDSLMS AELITKVFGQ120  
EYWHQPNLHY LF 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

PVPGWNILGI AHPFNHPRC NVHLRSSVNG YFAQPHGNGG LGQDLLGQCS CPLVGGVPLL 60  
VLGHSVIHQP QYVGLSSTQS SAREDELLRQ GHPQTTGQPL SPSCPREEPS RGLNQSHDCR120  
GSCSDRTK 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143 :

(A) LÄNGE: 199 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

10 ASRAPSAPE RPSRSPLRGT WRQNGCPRET GGAQGREAPG PAGGGGGGSR WAESGSGTSP 60  
ESGDEEVSGA GSSPVSGGVN LFANDGSFLE LFKRKMEEEQ RQRQEEPPPG QRPDQSA120  
AGPGDPKRKG GPGSTLSFVG KRRGGNKLAL KTGIVAKKQK TEDEVLTSGK DAWAKYMAEV180  
KKYKAHQCGD DDKTRPLVK 199

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
20 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

35 FVPASAFANE AKCGARTALP LRIPGASGGG RLVGSLRTRG RLLPLPLLL LHLPLEQLQE 60  
AAVGEQVHA ARHRARTRAR HLLVPALGRR PRSRLSPTAP ATATARGARS LPALSSARLP120  
RAAILSPGAA QRTPGRPLRP RAWRPTR 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40 (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

ALYFFTSAMY LAHASP LLVN TSSSVFCFLA TIPVLRASLF PPLRLPTKLS VEPGPPFLFG 60  
SPGPAAAADW SGRCCPGGGS SCRCRCSSSI FRLNSSRKLP SLANKFTPPD TGLEPAPOTS120  
SSPLSGDVPD PDSQRLLPP PPPAGPGASR P 151

10 (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 PSLRIHHSFL GDVKKIITDE FVKQKYLDYA RVPNSNPPEY EFFWGLRSYY ETSKMKVLKF 60  
ACKVQKKDPK EWAAQYREAM EADLKAAAEA AAeAKARAEI RARMGIGLGS ENAAGPCNWD120  
EADIGPWAKA RIQAGAEAKA KAQESGSAST GASTSTNNSA SASASTSGGF SAGASLTATL180  
TFGLFAGLGG AGASTSGSSG ACGFSYK 207

35 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 ERASKLVKYL LVKDQTKIPI KRSDMLRDVI QEYDEYFPEI IERASYTLEK MFRVNLKEID 60  
KQSSLYILIS TQESSAGILG TTKDTPKLGL LMVILSVIFM NGNKASEAVI WEVLRKLGRL120  
LGYDLGSLSA CCPCCPLARE DGPRIASVWW SGGAGGVLDW VEGPGF 166

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

RERLAGLTIS KISLVGETTG TRAATGAGTS STKASEEPC K ESQQAGTST EATTGAGTGT 60  
GTVIGTGTGT SAGTATLLGF GFSFCSRLDP GFPGSDISF VPVAGPGSIL RAEPNAHSSS120  
NLGPSLGFSC SLSCSLQIRF HRLSVLSCPF LGILLLYLAG KLEDFHLAGL IVRAQAFEEL180  
20 IFRGIAIGDS GIVQVLLHK LISDELLHVP KE 212

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 245 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

40 AFLEPAPGHR QHAPASRLRE STQLPRPFTS TAAAGMAASV EQREGTIQVQ GOALFFREAL 60  
PGSGQARFSV LLLHGIRFSS ETWQNLGTLH RLAQAGYRAV AIDLPGLGHS KEAAPAPIG120  
ELAPGSFLAA VVDALELGPP VVISPSLSGM YSLPFLTAPG SQLPGFVPVA PICTDKINAA180  
45 NYASVKTPAL IVYGDQDPMG QTSFEHLKQL PNHRVLMKG AGHPCYLDKP EEWHTGLLDF240  
LQGLQ 245

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

10 RSSSRPQVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60  
PAVGRSLASLY CCGMVFASPP RRGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120  
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

35 WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQPVQCTQ 60  
VLPGLGGEAN TMQQYREAS LPTAGQGLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120  
GELRGLAQTG SRRVLAVTWG RLEER 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren

40 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

IVLARNTNFW LSFLFPVALD ILIVLKFLKY ISWPLEYCQR QKMFVSYSFH FCLLGSL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

5

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

ATEGIPGDKS GMNKKQTSFA SGSTQGARRC TSKTLRQLKC QVPQGREMIT RNLYF 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

25

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

YYLTQLHNTK TNTNKKGLGS WASFTFFPLF VSFFYLISPK GSRCLDIQSA VERKEGKKTP60  
N 61

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

50

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

TTEMDLIHLK MCESLDKSRD SSFVKIKCTV EYEVTNHVAF PSTNTYIH

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

15

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

QMNCPLYFLR THTSICVLNP SLWSTQGFDP DFTSLLLASV SYSVPDHFS

49

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:



FFFFFFFF LGRSLGFIRS VGT LFRSEAP PSHGVGDSSG RGNPSEHPGG CVVSMYFALP 60  
SLFHGVPCQG QALICGEGSK QRRRPFRGGE RAVAPRTPSP AHDIPKETHK IKPRGLST 118

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FFFFFFFF GKKPWLYSLC GDTVPRGPS QPWGGQWWA WESQRASWRV RRLHVFCSSP60  
SFPWGPLPGS STNMW 75  
25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

NKAPGPFYVG APLKYG MVVG REAVAQQSL S PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60  
45 LQGGTVS EEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
50 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

15 GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLLGVVSM VWPHLQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
ARQGWGGWCW QQLLSWCDLS GLHLRGRNGP GYRGQIHPGW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPPQ TTVWLQPIR 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

20 (A) LÄNGE: Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

35 ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGMG QAIEVRFIQA GVLVLRWGL 60  
LGGAGCWWEG GHRWLVPFA SLLLLTLCLS LLSWPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

40

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

5 SHIPGPKSVN TKHVRQCQHL PPASQAAVPE GKGLQPSAF IRAAAPRQQY WEPLSSPRIN 60  
SEASDPADLN HQGACQRRGS DSAGQASRLY KFQKAGLHSD LFQQLLPARE APSETQRLHN120  
THHVPGWCSG SPYQEEAPPC EGGGPEGGPR KPDQEPGNQV QDLPGHARV 169

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

10

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

IIREPVRGGA VTLRDKQAGY ISFRRLGSTQ IFSSSCCLPE RRLQRPSAYT IPTMSQAGAQ 60  
EAPIKKKRPP VKEEDLKGAR GNLTKNQEI KSKTYQVMREC EQAGSAAPSV FSRTRTGTET120  
VFEKPKAGPT KSVFG 135

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 209 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

RAWTVGEGGS PRDSRGEEAF WHKKEFLGKA PVSEHSGSKG SGANFSAEDT LGGSGFGLLK 60  
50 DSLGTCAGAA EHRRGGRASL LTLSHDLVGL GLDFLVLGQV SSGPLQVLLL HRGALLLDRG120  
FLSTSLGHGG YCVSAGSLKA PLWQAAAAGK DLGSAQPSET YIACLLVPQS HCPSSDRLPD180  
DSGPQGRWLQ SLFSEMRGAP STAAWGLQP 209

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- 5 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

20 EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL60  
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 25 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

40 EKVPQRQNHN MSRRNKKLLD IPGSFLYDSG LQVKFLSLSS EEFELIPAKY FNLFITASSP 60  
IFFLGKGM LGPKLLAGGG AMCHSITDGC KCFTEQGSGL QQL 103

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167 :

- 45 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

10 ENSRHPRLQN QTNRSRRALR SCRTKAWRRS GPRPDPKMHR GVGPAFRVVR KMAASGAERR60  
SWYNTWCYER IYHKLRSPGR RAHW 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

15 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO168:

30 SQDAPGSRSG LSGGQEDGGL WGGQVVLVQY LVLKRDLSQA PFSWPAGALV AQACHAATAA 60  
LHTHRDHPHT AAYLQELGRM RKVVLEAPDE TTLKELAETL QQKNIDHMLW LEQPENIATC120  
IALRPYPKEE VGQYLKKFERL FK 142

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

TIGTSSNTGP LLPWGRAGEQ YKWRYSLVAQ ATACGQCSSV AGSRPAPLGW SHLGPRGFLC 60  
ACAPALGGKR LCAGGRGECA RPRWPRDKPA LPVRPPARRT ELVIDPFVTP SIVPGPALRP120  
RGRHLPDHPK GRTYSPVHLG IRAGP 145

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
10 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

25 DPQGFPTAAP RALGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60  
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRGRW120  
DFGRSAAATA SGLIFIFAL RWLKAFI 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 30 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

45

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60  
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQQ SSHWEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120  
ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGS 147

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 116 Aminosäuren

(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

15

SWPFNPTRAL PCSSTSKGSW PLIRICPPET PPDAGPGDA VLCTGNRHC QISTLLPLGR 60  
LGASCSDSQS GEMTLTLLES WWQAAVHGGE VSALDWTEER LLPWGHTAK LLPPLH 116

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

NCSQGQQLAT FSSDWEIQED SRLMCSSVQK ALFEEEDHVK KLQOKVATLE KRNRLRERV 60  
KKVKRSLRQA RKKGRHLELA NQKLSEKLAA GALPHINARG PVRPPYLRG 109

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

LHVRNLTHSQ LPPGLALHTW QPPGPLPPQV GGAHGPPGVD VRQARRQLL TEFLVRQLQV 60  
AALLTRLPOG PLDLLHSLPE LPVALLQGGH FLLQFLDVVL LLKQGLLHRG AHEPTVFLDF120  
PVTGESRQLL PLRTV 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

HPLRHSICVL KPCECALSPG SLLLLLTLVL LTKSLEGRT ESKFGIVENK CRFLSRNHCE60  
GAVYCRML 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

LQPRDRGPLD MAPRRQNLFK MNGESVERV GVGYIGTLGR HPCMPFFFF LPVKTQGLLV60  
NAE 63

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:



- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

NSAFTRRPCV FTGRKKKKGG IQGCLPKVPI YPTPTLSTDS PFPILNKFCL LGAISRGPLS 69  
LGCNYNLQGS ADLLLFSLFP ATLRSYICTV PTPYYLFIDK LIVITFYNTL LPHNDFYSRT120  
CIYFLLSQIY SQFFPQDF 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

SLDNKKISRA RHSGHTCNLS SHDHTNALQP VKQSETLSLQ KNKKEKKEKI SYIYPCNFHF60  
LFSSFFFPSPG VTSFLPDDFL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

10 MESGMFFAGF SYCKLWQIQG SLHLLFISYA SKSKTFLYQD NLEEKKGKG KEKAEGTNKS60  
NWQKLSIIIVY TLNYINNHHI CK 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

15 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

30 NRVRCLLYRK IKKKRKKRSH IFTHVIFISC FLHSSFHLVS LPFCLTTSFN VFYSSGLQDS60  
LSFVCLFLFL KDIFTVY 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

35 (A) LÄNGE: 212 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

50

RNEQNTRTHI HPHLHMRTHV LCYHWPRKRE SQDSRAWTWG KGLLWDSAPQ PLGGPRVWGQ 60  
DWVSALTHRI SPGPKAEEKS GRRSRQGWV TKVGVRLKSG SETRFDHTH PSVPPGQHAP120  
LEPLHRLIRT RQNLNLTNLL RAVYRGITLV QEGCPSCFHT TTGPTIPLLA SLRRPRDPQK180

PGEKESWPLV STAFRATGGD AQMTWVKGLS QT

212

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 5 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

20

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS IHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60  
GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSLTM CSHTHAQTKH120  
RHRVSNLSLT LIGKQAWDIP LQ 142

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

TEVLQHFGHL RTEGPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT 60  
LNLKFHCPAP PTPTPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK120  
45 GCSGTLPPNL LEDPECGRRI GCLP 144

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 50 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

FRPWTLDLVD EGHWPGRVF GRRGLAWVP TGCLTSSCSL HLGCVGQGLC CHSRNRFSSV 60  
GLPFLHPGLK WMPDANPSSG HVQPAGQPRG SLSSRAKDSR LPFSLAFLI CPAVAAGEAA120  
AAGRRSCLS APPCPTPAPA LEIWSPLELS WTGGQLRACA LNAALSRGRE QDGEWKESPP180  
15 GFVNCKKGP F QDDTRNRARA LAQSLGACLF FIIVFKSL 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

20

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

35 PAVNLRAHTR ASAQSPRGQL QDSERNVNFR KTNHFSHKCS KYCVGHINAR KLSFVYLKFA 60  
FNSALCFGFA KSGQPWPQKS VGGGLRKERE VVSTEGIEGR EGITQPKRKK RLSPHRNDIL120  
FKKKIVLQKY SALAFLSC 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

5 QHSPCPTQPK CREHDEVQRQ VGTHASPLRP PKTRGPGQCP SSTRSRVHGL NOGSWLPLRR 60  
RVKGHSGVGA GRRCSEQELPV ATHCPPHTRI MKENSLSGCL ETAARALSGP RKAGCAPPGC120  
LSAAGEGA AV PCGVAHAAG 140

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 10 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

25

GTSYLPHTL VYLFTERLNC HLAHSHKCV LYFKKNMPRF CLSVDSTFTS IKNSNLTKLD60  
FHYKAAVFQS SMLTYMYIKI IAYLLIYK 88

## 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

LGIFLHQYVI FNQNVKFLN SLPAIVIVPS WPTWFDPVNV NINASAVGPL LRCLRRNFVL60  
AISINFV FYL QFGRRKVT 78

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

15 NTKLMDMAKT KFLRRHLSKG PTADALMLFT TSGNQVGHG TITMAGNEFN KNFTFWLKIT60  
YWCKKIPNQI KSYCFD 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- 20 (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

SLLSQGFACK HSNCFEFHFA FSKLEVFND

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 40 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

5 VQLWHQSWSP QQTHHTFILK TQYILLQVKI YKSSFKEHPF QCPSRIVYSV C 51

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

10 (A) LÄNGE: 177 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

25 SRSNTPSCVL SFPDTAYLDG VSLPDFELLS DPEDEHLCAN LMQLLQESLA QARLGSRRA 60  
RLLMPSQLVS QVGKELLRLA YSEPCGLRGA LLDVCVEQK SCHSVGQAL DPSLVPTFQL120  
TLVLRDLSRL WPKIQGLFSS ANSPFLPGFS QSLTLSTGFR VIKKKLYSSE QLLIEEC 177

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45 GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60  
SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSEQP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCFLFC1120  
LFF 123

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

SPPQKFSRLC LGGHCRRPPQV EVQHSSMSSC SELYSFFLMT RKPVLVSRDW LKPGRKGELA 60  
ELNSPWILGQ SRESRRSTRV SWKVGTRLGS SASWPTLWQL LPCSTQTSSS APRRPHGSL 119

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

YISLCYHAWG RKRMAPECHP HLTSPAPRL CPEHVLASRE SRSSHCVDRK RKSPGEGWEG 60  
MKLGPGVGVG AVACGPGILK RKKSSNTSVL SGEKTTALHI LVPNGGYSP LSGVLWSFLI120  
PFTRWSNSHV RFLSSLLSKH IR 142

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

LKSLPPLPRT LTFSVHMTG TGFSSRSKHL WAEAGCFRGG QVGVAFWGHA FSSPCVVTQG60  
NVLTVKENS AGHTGRARLA LLSPVLCKDG VGRGDSRD 98

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

KKNSSLPSP LTPASAPIMKA FSPLSTLKAK IKQNPICDNI SDLKGGKKVS LNEASHGSKM 60  
30 ALFLCWGSTT FHGSHLCCAH LICLDNKELR KRTCELLHRV NGIRKLQRTP ESGGE 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

APVRVPALCP RGWVSSAPVP GLLILGPASS RSARLLFPAL CEAKEEQPV QNPRRTGKGG60  
50 EISTWKNSTV KMKEWLQTK RWMKNSHKT RESQK 95

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207

20 KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGDEEMLK DKGKPESEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

40 RFPYLGFPPLS RPPPSLTLPPL SLTFLLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
LPEYKLLAF SRLVAVLHFP SFLGLKPFLH FHC RVFP CRD FPSFSCPAGI LDRLLLLFSF120  
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- 45 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

10 RDARINYGST FFPLLFLSQL SLLFWVPLRI NGCKVFSCAF ILCHSIGRRC NGRIASCWGF60  
SFKHCK 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

15 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

30 HRQHSPLFRP STCIVKITAY PPQISSIHCS CYARMCPKSC FNFFFLNVIM FWMIEQGCL 60  
FFIYYHYILY YIIYFLLSYN FGGKSNLGI KIVLKRSKFS S 101

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

TLQVTEKPTQ LDCIFEVHMV AISLAVFEGK PPTRCYSVT PPSNRMTQNK GTGKYLTSIN 60  
PKWDPKQKRQ LAQELEGKKG TAIIDPSIPS WLQCVTLTFQ 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

5

- (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

NRHFEIIWNL NCWIIWSTI LILPFYFRR IINKHTDESL GDCSFLNTCF HMDTCKYVHY 60  
EIDACMDSEA PGSKDHTPSQ ELALTQSVGG DSSADRLFP QWICCDIRYL DVSILGKFAV120  
VMADPPWDIH MELPYGTLTD DEMRRLNIPV LQDDGFLFLW VTGRAMELGR ECLNLWGYER180  
25 VDEIIWVKTN QLQRIIRTGR TGHWLNHGKE HCLVSSSGAQ FNRWSTKKNH LISY 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

45 YQQKCGSFGG LGSTYLSYDH ITIQTLEAL GISFDTNLLT TDNRLPYETT PLNFFSVRNQ 60  
MILLCAPPIE LGPTAAHQAV FLPMVQVTC TACPNDALQL ICLHPNNFIY PFIPPEV 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

YGYVEPAHLI ICQGPIGQFH VNIPGWVSHH NCKLAQD TDV QVADITTDPL RWEESVCTGI 60  
TSDTLCKSKL LAWRVVFAR GLRIHASINF IVNILAGIHV ETCIKERAVT 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2534 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 218:

GCAAAACAGT ACAACCTTTT TGATTTTTTA ATAATACTGT AATTTTACTT CTGCAGGAGG 60  
TAAATGATT GTTTATCTAA CTTGGAGAAG CCTTCCATTT CATCTTAAGT AATGCATCTG 120  
TAAACATAAT AAAGTTCCAG CCTGTGAAGG GAACATCACA TCACATCACA TCACATCACA 180  
TAGGGCACAT CCCTTTTTTT TTTTTTTGAG ACTGAGTCTC ACTCTTTTGC CCAGGCTGGA 240  
GTGCAGTTAC TAACTTTCAT ATGATTAGTC CCTGGTAAAT TTCCCCATCT TTCCCGGTAT 300  
TTCTGGGGGA GCCGCGGGAG GTGGCAGCTG AGCGTGCACT ACCATGCACA GCCCTCTGTG 360  
ACCAGCACCT GCTGTCTCT TGAACGTGTG TCCCTGCCCC CCGTCCTGGC CTCCAGCTCA 420  
GCTGTCTCCA GTACTACAG GGACCCAGCA ATGCAACGGC AGGGATGGAG ACGGAGGGCA 480  
GCTGCCTGGA GAACCCCAAG TATTACAAC ATGTGGCCGT GCTGTCCCTC ATCGCCACCA 540  
TCATGCTGGT GCAGGTCAGC CACATGGTGA AGCTCACGCT CATGCTGCTC GTCGCAGGCG 600  
CCGTGGCCAC CATCAACCTC TATGCCTGGC GTCCCGTCTT TGATGAATAC GACCACAAGC 660  
GTTTTCGGGA GCACGACTTA CCTATGGTGG CTTTAGAGCA GATGCAAGGA TTCAACCCTG 720  
GGCTCAATGG CACTGACAGG CTGCCCCTGG TGCCTTCCAA GTACTCTATG ACGGTGATGG 780  
TGTTCCCTCAT GATGCTCAGC TTCTACTACT TCTCCCGCCA CGTAGNAAAA ACTNGGCACG 840  
GACACTTTTC TTGTGGNAAG ANTTGAGGTC CACGACCAGA AGGNAACGTG TNCTATNGAG 900

5 ATGCGACGCT GGNACGAGG NCCTTNGGTC ACCAACATGT TGNCCTGAGC ACGTGGNCAC 960  
 GCCATTTNNC CTGGGGNTCC AAGAAGAGAG ATGANGGAGC TGTATNAGNC CAGACGTATN1020  
 3ATGAGATTG GAGTCATGTT TGCCTCCCTC CCAAACCTTG CTGACTTCTA CACAGAGGAG1080  
 AGCATCAACA ATGGTGGTAT TGAGTGTCTG CGTTTCCTCA ATGAAATCAT CTCGGATTTT1140  
 5 GACTCTCTCC TGGACAATCC CAAGTTCCGG GTGATCACCA AGATCAAAAC CATTGGCAGC1200  
 ACNGTATATG GNCGGCTTCA GGAGTCACCC CCGATGTCAA CACCAATGGC TTTGCNAGGC1260  
 TCCAACAAGG AAGACAAGTC CGAGAGAGAG CGCTGGCAGC ACCTGGCTGA CCTGGCCGAC1320  
 TTCGCGCTGG CCATGAAGGA TACGCTCACC AACATCAACA ACCANGTCCT TCAATAACTT1380  
 CATGCTGCGC ATAGGCATGA ACAAAGGCGG GGTCTGGCT GGGGTCATCG GAGCCCGGAA1440  
 10 ACCACACTAC GACATCTGGG GCAATACAGT CAATGTAGCC AGCAGGATGG NAGTCCACGG1500  
 GGGTNCATNG GGCAACANTT CAGGTGGTNN AGAANGAAN CCAAGTNCA TNCCTCCGAG1560  
 NNAGTACNGG NCTTCCGNTT TTGTNGANG CGANNNGCCC CATCTTTNNG TGAANNNGGG1620  
 AAGGGGGAGC TGCTGACCTT CTTCTTGAAG GGGCGGGATA AGCTAGCCAC CTTCCCCAAT1680  
 GGCCCCCTCG TCACACTGCC CCACCAGGTG GTGGACAACCT CCTGAATGGC CTCGAGCCNT1740  
 15 GCAACAGNTC CAAACCGGAN AGGAAGAATT TNATTTTTTG AAACTGAAGG AAGTCCCGAC1800  
 CTTCTGGAT TGAAGTGCAC ACTCATGGAC TTTAGGTTTA GAAACCTCCT CAGCCTTCAT1860  
 TTGTTCTGGG ATGTGTGAGC TCTGAGGGTG GCCCTGCTAT TCCTCTGCGT GCCTGTAGTG1920  
 TCCCCAGCAT AGGGGTCTTA GGCATAGGGC TGAACAGTCC TTCCAGAGCC CTCGTTCCAA1980  
 TCCTTGCCGT CCTTGCCCTT GAGGGGCCCN TGACCACNTG TGAGCAGGAG GGTGGCAGAN2040  
 20 GCTGGGACAA AGCTGCCTTT GCCGCTGGGC TTTCCGGGAC TNGTGGAGGG AGCACAGGNC2100  
 GGGGAAGCTC CACTTCAGAC AGGGCTTGGT GGGGCNAGGA CATGGCTNCC CATTTTGAAG2160  
 GGAGGTCTCC ATGTGGTCCG AGTGAGGTGA GACGGCCCTC NGTCTGGTG TTNCTGATC2220  
 NATNCTTGAA AGGTNCTTC TGGAACCCN TGTCCCTTA GTNCATGAGA ACAGAAAGTG2280  
 CAATATTTCC NTTTCNNACC TGGCAGGGGA GGGGGGATT ATTTCTGAAA GAAAAATATA2340  
 25 TAAACANNNN GATCTTCTAN CATTTATATT TTTAATCTTC TGTTAAATAC ACTTTCCGAT2400  
 ATTGCCTTGC CTTTGGAGCT CTTGCTNACA GTCGCCTTTG CTACTGCTTT NAAGAGAATT2460  
 TACAGGTATT GATAAAGAAC AAGACTGTTT TATTAAAAGC TTTATTCAAC TTGAAAAAAA2520  
 AAAAAAAAAA AAAA 2534

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2704 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 219:

55 GCTTAGTGTA ACCAGCGGCG TATATTTTTT AGGCGCCTTT TCGAAAACCT AGTAGTTAAT 60  
 ATTCATTTGT TTAAATCTTA TTTTATTTTT AAGCTCAAAC TGCTTAAGAA TACCTTAATT 120  
 CCTTAAAGTG AAATAATTTT TTGCAAAGGG GTTTCCTCGA TTTGGAGCTT TTTTTTCTT 180

CCACCGTCAT TTCTAACTCT TAAAACCAAC TCAGTTCCAT CATGGTGATG TTCAAGAAGA 240  
 TCAAGTCTTT TGAGGTGGTC TTTAACGACC CTGAAAAGGT GTACGGCAGT GGGGAGAGGG 300  
 TGGCTGGCCG GGTGATAGTG GAGGTGTGTG AAGTTACTCG TGTCAAAGCC GTTAGGATCC 360  
 TGGCTTGCGG AGTGGCTAAA GTGCTTTGGA TGCAGGGATC CCAGCAGTGC AACACAGACTT 420  
 5 CGGAGTACCT GCGCTATGAA GACACGCTTC TTCTGGAAGA CCAGCCAACA GGTGAGAATG 480  
 AGATGGTGTAT CATGAGACCT GGAAACAAAT ATGAGTACAA GTTCGGCTTT GAGCTTCCTC 540  
 AGGGGCTCTT GGGAAACATCC TTCAAAGGAA AATATGGGTG TGTAAGTAC TGGGTGAAGG 600  
 CTTTTCTTGA CCGCCCGAGC CAGCCAACTC AAGAGACAAA GAAAAACTTT GAAGTAGTGG 660  
 ATCTGGTGGA TGTCAATACC CCTGATTAA TGGCACCTGT GTCTGCTAAA AAAGAAAAGA 720  
 10 AAGTTTCCTG CATGTTTCAAT CCTGATGGGC GGGTGTCTGT CTCTGCTCGA ATTGACAGAA 780  
 AAGGATTCCTG TGAAGGTGAT GAGATTTCCA TCCATGCTGA CTTTGAGAAT ACATGTTCCC 840  
 GAATTGTGGT CCCCAGAGCT GCCATTGTGG CCCGCCACAC TTACCTTGCC AATGGCCAGA 900  
 CCAAGGTGCT GACTCAGAAG TTGTCATCAG TCAGAGGCAA TCATATTATC TCAGGGACAT 960  
 GCGCATCATG GCGTGGCAAG AGCCTTCGGG TTCAGAAGAT CAGGCCTTCT ATCCTGGGCT1020  
 15 GCAACATCCT TCGAGTTGAA TATTCCTTAC TGATCTATGT TAGCGTTCCT GGATCCAAGA1080  
 AGGTCATCCT TGACCTGCCC CTGGTAATTG GCAGCAGATC AGGTCTAAGC AGCAGAACAT1140  
 CCAGCATGGC CAGCCGAACC AGCTCTGAGA TGAGTTGGGT AGATCTGAAC ATCCCTGATA1200  
 CCCCAGAAGC TCCTCCCTGC TATATGGATG TCATTCCTGA AGATCACCAG TGGAGAGCC1260  
 CAACAACCTCC TCTGCTAGAT GACATGGATG GCTCTCAAGA CAGCCCTATC TTTATGTATG1320  
 20 CCCCTGAGTT CAAGTTCATG CCACCACCGA CTTATACTGA GGTGGATCCC TGCATCCTCA1380  
 ACAACAATGT GCAGTGAGCA TGTGGAAGAA AAGAAGCAGC TTTACCTACT TGTTTCTTTT1440  
 TGTCTCTCTT CTTGGACACT CACTTTTTTCA GAGACTCAAC AGTCTCGTCA ATGGAGTGTG1500  
 GGTCCACCTT AGCCTCTGAC TTCCTAATGT AGGAGGTGGT CAGCAGGCAA TCTCCTGGGC1560  
 CTTAAAGGAT GCGGACTCAT CCTCAGCCAG CCCCCATGTT GTGATACAGG GGTGTTTGT1620  
 25 GGATGGGTTT AAAAATAACT AGAAAAACTC AGGCCCATCC ATTTTCTCAG ATCTCCTTGA1680  
 AAATTGAGGC CTTTTCGATA GTTTCGGGTC AGGTAAAAAT GGCCTCCTGG CGTAAGCTTT1740  
 TCAAGGTTTT TTGGAGGCTT TTTGTAAATT GTGATAGGAA CTTTGGACCT TGAACCTACG1800  
 TATCATGTGG AGAAGAGCCA ATTTAACAAA CTAGGAAGAT GAAAAGGGAA ATTGTGGCCA1860  
 AAACCTTTGGG AAAAGGAGGT TCTTAAAAATC AGTGTTCCTT CTTTGTGCAC TTGTAGAAAA1920  
 30 AAAAGAAAAA CCTTCTAGAG CTGATTGAT GGACAATGGA GAGAGCTTTC CCTGTGATTA1980  
 TAAAAAAGGA AGCTAGCTGC TCTACGGTCA TCTTTGCTTA GAGTATACTT TAACCTGGCT2040  
 TTTAAAGCAG TAGTAACTGC CCCACCAAAG GTCTTAAAAG CCATTTTGTG AGCCTATTGC2100  
 ACTGTGTTCT CCTACTGCAA ATATTTTCAT ATGGGAGGAT GGTTCCTCTC TCATGTAAGT2160  
 CCTTGAATT GATTCTAAGG TGATGTTCTT AGCACTTTAA TTCCTGTCAA ATTTTGTGTT2220  
 35 CTCCCCCTCT GCCATCTTAA ATGTAAGCTG AAACCTGGTCT ACTGTGTCTC TAGGGTTAAG2280  
 CCAAAGACA AAAAAATTT TACTACTTTT GAGATTGCCC CAATGTACAG AATTATATAA2340  
 TTCTAACGCT TAAATCATGT GAAAGGGTTG CTGCTGTCAG CCTTGCCAC TGTGACTTCA2400  
 AACCCAGGA GGAACCTTG ATCAAGATGC CCAACCCTGT GATCAGAACC TCCAAATACT2460  
 GCCATGAGAA ACTAGAGGGC AGGTGTTTCA AAAAGCCCTT TGAACCCCTT TCCTGCCCTG2520  
 40 TGTTAGGAGA TAGGGATATT GGCCCCCTCAC TGCAGCTGCC AGCACTTGGT CAGTCACTCT2580  
 CAGCCATAGC ACTTTGTTCA CTGTCCTGTG TCAGAGCACT GAGCTCCACC CTTTTCTGAG2640  
 AGTTATTACA GCCAGAAAGT GTGGGCTGAA GATGGTTGGT TTCATGTGGG GGTATTATGT2700  
 ACCC 2704

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 50 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 220:

10 TTTAGAATTC AGCATAGGTT GAGGTCAGAA AGCAATTCAG GCATGAGCCA CCGTGCCCGG 60  
 CTCACACCC ATTTCTTTAA AAAGGATCCC GTAGCAGGCA GAAAAGCCCC TTCCATCCTG 120  
 CTCCTCTGAT ACTGTGCCCC CTTGGAGATA TTTCCGTCCT CCACCCACGT GTCTGTGGCT 180  
 GGAAGTGGCC AGCCTGCTCC TGGCCCCCTG GAAGCCTCCC CACAGCTGGT AATCTGGACT 240  
 15 TAAGGATTGC TGGGCCACCG CCTCTCTGCC TACCACCATT CCATATTTAA GTGGAGCCCC 300  
 TACGTAGAAA GGCCCCGGGG CTTTATTTTA GTCTCCTTTT CAGGGATGTC GTGGGCGGGG 360  
 GAGGGGGTTC TTGGTGCTAC AGCCCTCTCC CCACCCCTAA AGGGACGCCG ACGCTGTTTG 420  
 CTGCCCTTAC CACATATTAG TGCTTGACCC TGGCAGGGGA CCCCATGGAA AAGATGGGGA 480  
 AGAGCAAAAT ACATGGAGAC GACGCACCCT CCAGGATGCT CGCTGGGATT CCCACGCCA 540  
 20 CCACTGTCCC CCACCCCATG GCTGGGAGGG GCCTCTGAAC GGAACAGTGT CCCACAGAG 600  
 CGAATAAAGC CAAGGCTTCT TCCCAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 660  
 AAAAAAGGCG GCCGAAAGTT TTTTCCCTT TAGTAAGGGT TAGTTTTAG TTTGGGGTTG 720  
 GCCTTCGTTT TTAAGAACGT 740

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1876 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 221:

50 CTCTTGATC CCCTGGACCA CTGGGCATAC TCGCCATCCT CTTCCGGAGA TCTGGGCACT 60  
 TCGCCTGCAT TAGAGCTCCT GATTGAGATT CAGTGCATCA GCCGTGCTAT CCATCACGTC 120  
 CACACCTCTG TGCCCACTCT TGAAGCTGTT GGGAAATATT CAGCAATGTC CGCATCAACT 180  
 TGCAGAAGAA TATAAATGAC ATTTCAAGGA TAGAAGATAC CTGATTTTTT TTCCTTTTAA 240  
 TTTTCCTGGT GCCAATTTCA AGTTCCAAGT TGCTAATACA GCAACAATTT ATGAATTGAA 300  
 55 TTATCTTGGT TGAAAATAAA AAGATCACTT TCTCAGTTT CATAAGTATT ATGTCTCTTC 360



```

5 TGAGCTATTT CATCTATTTT TGGCAGTCTG AATTTTAA ACCCATTTAA ATTTTTCCT 420
 TTACCTTTTT ATTTGCATGT GGATCAACCA TCGCTTATT GGCTGAGATA TGAACATATT 480
 GTTGAAAGGT AATTTGAGAG AAATATGAAG AACTGAGGAG GAAAAAAGAA 540
 GAACCAACAA CCTCAACTGC CTACTCCAAA ATGTTGGTCA TTTTATGTTA AGGGAAGAAT 600
10 TCCAGGGTAT GGCCATGGAG TGTACAAGTA TGTGGGCAGA TTTTCAGCAA ACTCTTTTCC 660
 CACTGTTTAA GGAGTTAGTG GATTACTGCC ATTCACTTCA TAATCCAGTA GGATCCAGTG 720
 ATCCTTACAA GTTAGAAAAC ATAATCTTCT GCCTTCTCAT GATCCAACTA ATGCCTTACT 780
 CTTCTTGAAA TTTTAACCTA TGATATTTTC TGTGCCTGAA TATTGTTAT GTAGATAACA 840
 AGACCTCAGT GCCTTCCTGT TTTTCACATT TTCCTTTTCA AATAGGGTCT AACTCAGCAA 900
15 CTCGCTTTAG GTCAGCAGCC TCCCTGAAGA CCAAATTAG AATATCCATG ACCTAGTTTT 960
 CCATGCGTGT TTCTGACTCT GAGCTACAGA GTCTGGTGAA GCTCACTTCT GGGCTTCATC1020
 TGGCAACATC TTTATCCGTA GTGGGTATGG TTGACACTAG CCCAATGAAA TGAATTAAG1080
 TGGACCAATA GGGCTGAGCT CTCGTGGGCG TGGCAGTCCT GGAAGCCAGC TTTCCCTGCC1140
 TCTCATCAAC TGAATGAGGT CAGCATGTCT ATTCACTTCT GTTTATTTTC AAGAATAATC1200
20 ACGCTTTCCT GAATCCAAAC TAATCCATCA CCGGGGTGGT TTAGTGGCTC AACATTGTGT1260
 TCCCATTTCG GCTGATCAGT GGGCCTCCAA GGAGGGGCTG TAAAATGGAG GCCATTGTGT1320
 GAGCCTATCA GAGTTGCTGC AAACCTGACC CCTGCTCAGT AAAGCACTTG CAACCGTCTG1380
 TTATGCTGTG ACACATGGCC CCTCCCCTG CCAGGAGCTT TGGACCTAAT CCAAGCATCC1440
 CTTTGCCAG AAAGAAGATG GGGGAGGAGG CAGTAATAAA AAGATTGAAG TATTTTGCTG1500
25 GAATAAGTTC AAATCTTCT GAACTCAAAC TGAGGAATTT CACCTGTAAA CCTGAGTCGT1560
 ACAGAAAGCT GCCTGGTATA TCCAAAAGCT TTTTATTCCT CCTGCTCATA TTGTGATTCT1620
 GCCTTTGGGG ACTTTCTTA AACCTTCAGT TATGATTTT TTTTCATACA CTTATTGGAA1680
 CTCTGCTTGA TTTTGGCCTC TTCCAGTCTT CCTGACACTT TAATTACCAA CCTGTTACCT1740
 ACTTTGACTT TTTGCATTTA AAACAGGACA CGGGGCAGGG AGAAAAGGGT TTTAGTTTTT1800
30 AAACCCGGTG GTTACCATAA CGCGGGAAAA GGTGGCCAT ACGGGGCAAA CGTTTTTGAA1860
 AGGTTAAGGG TATTTT 1876

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 878 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 222:

```

55 GCGGCCGCGC CAGTCTCGCT TCATGACGCA GCCGGTGACC TTCGACGAGA TCCAGGAGGT 60
 GGAGGAGGAG GGGGTGTCCC CCATGGAGGA GGAGAAGGCC AAGAAGTCGT TCCTGCAGAG 120
 CCTGGAGTGC CTGCGCCGCA GCACGCAGAG CCTGTCGCTG CAGCGGGAGC AGCTCAGCAG 180
 CTGCAAACTG AGGAACAGCC TGGACTCCAG CGACTCCGAC TCGGCCCTGT AAGGGGCGCC 240
 GCGCGCGGGG GGGACGCGCG CGTCCGCGGT CCGCGCGGGG ACCGGCGTGT GAACCCCGAG 300

```

```

AGTGCCCGCG CCTGCTCCC GGGGGACCCG CAAGGACCCG GGACCGCCGC TCCTCGCGCG 360
CTCGGACTCC CGCCCCGCTG CGAACCGGTC GGTGCGCCCC TCGCCGCGCT CGCCCTGGCC 420
CGGGAGCGCC JGGAGCGGGG CCGTTTCCT CGTCTTGTA AATGTTTATT TTTAACTCT 480
TCCCAGTGCG AACTCTGCTG TGAGTGTGTG CGGGGAGGCG CGCCCGCGCT GAGTCGGCGG 540
5 CGGGTAGCCA CTCCATGCCC TTGTCCGATG GTTGCAACT CCGATTTTGC ACACCGCTCC 600
ACCGTGCCCC CCAGCGCACA CCCATTCACA CTCACGCCAA CACTCTCGCT GAACACTTTT 660
ATAATTGTTA GCGGTGGCCG TTGGGACTTT GGGCGCAGCG CGGCTGCTAC TGGCTCTGGA 720
GGATTGATAT TTATTTTTCG ATTGCGATGG CTGAAGGCAT TTATTTAACG ATCTTTTAC 780
CTGGATATGT CTGTGAGGCT CCTGAAAGGA GACAAATAAA GTCAATATAT TTGCACAGTG 840
10 CAAAAA AAAAGAAAGAA AAGAGAAGGT TCGAGAAA 878

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STrang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 223:

```

GGAGCTGTCC CTGACTNTGC AGGCCTGAGC GAGTGTGTGA GCATGCGGGG ACATGGGTGT 60
GTATGGCACA CATAGGTGCG TGTGTGCTT TTGTATTTT TCTCCTCCAA GGAGCTGTGT 120
CAGTGTGGAC GTTCTGTTTC AGGGAGTTGG AAAGGAGGGT GTCTGCAGAA GGTGGAGAGC 180
40 AGGGGCAGAG GCCCCACTGG CCACCCCTG CTTCCCAGAG TGAAACCTTG TGCTGGTGA 240
CCAAAGTCCC TCCAAAGTGC TCTCCTTCT GGGTTATTCA AGCCAAATAT CTGGGTTTCC 300
CCCTCTCCTC ATTCCCTAGC AAACCCCAAT TATCTTTCAA GATAGGAGAT ATTTCCCATC 360
CCCTTCCTTT GTAAATATCT CATCTCCAC TGGAGAGCCC AGGAGCCTAT TCCTGGCATG 420
GATGTTCTGT CCACACTTGA GGCTGGGCGG TGTATCAGAC CCTTCAAGCA GCCTGGCTGG 480
45 GGCCAGGAC TGAGTCTGGG GTCAGCTTTC ACGGTCGCTT TTCCCTTCCT CACCACCCAC 540
CACAGCCCAC CTTGCATGCA TGGCCAGCCC CTCCACTCCA GCCTGAGCCA TGTGTGCCCC 600
TGCAGGAGGA CCCATTGATG CCAGAAAGCT GGTAAGTCCC TCCCAGCATC CCTGCGGAAG 660
GAGTCAGTTT CTGAGAGTGT GACTTTTCAA GGCGAATGAT GGGGAAGGGT TCCCAGTCC 720
CCACAGTGGC CCCACCTCTG GGCCCTGCAC CAGAGCCCTT CTGTGTACG GCGGGCTGTG 780
50 CACCCATGCA CACACCTACG CACACACAAC ACTCCGCACT GCAGTATATT CTTGCCAAAG 840
ATTTCTTTTA AAAGCAAGCA CTTTACTAA TTATTATTT GTAAATGTTT ATCTTCTTCT 900
GTCTTCTCCC TCCCTGAATC TATTTTACTG TTGTTATTG TTGAATCTGT GTGTCAGCCA 960
GGAGAGCGCT GTCTGGCCTT GAACATGGG TGGGATGGGA AAGGGTCTGG GAGAAGATGG1020
GCAACAAAGA GCCAGGGAGT CATGGACATC GCAGCGACGC AGACCCAGC AGGTTAGTC1080
55 CCGTGCTGCC ACCAGCTGTC CAGCTGGGTG TCTGGAGGGA AGAGGGCAGA GGAGGGTCAT1140
GTCCCTTCAG CTGGGGGAGG GGCCAGTGA GCTCCACGTG GCTTTTCCC AAAGGGAGCA1200
AGAGGGAAGG ATTGGGCGAG AAAACAATGG AGAGGGGACC TGCGAAGGAA AACAGGGAGG1260

```

```

AAGTGAGCGG FTTGATCAGC CTGCTATCAC GGTGTTCTGG CTCTCTTATT TAGCCAGGCG1320
CTTAAGGGAC AGATACATCA CATCCTAAGT TTGGGAAAGG CCTTTGACCC ATGTCATCTG1380
AGCGTCTCCT CCAGTAGCTC TGAAAGCTGT GGACACCAAT GGCCAGGATT CCTTCTCCCC1440
TGGTTTTTGA GGATCCCCTG GTCTTCTGAG ACTGGCCAGG AGAGGGATGG TGGGGCCAGT1500
5 GGTGTGTGA AAGCAGGAGG GGCAGCCCTC CTGGACAAGT GTGATCCCC TATAAACGGC1560
TCTCAGGAGG TTAGTGAGTA GGAGATTCTG CCTTGTCTG ATGAGCCTGT GCAGGGGCTC1620
CAGGGGAGCA TGCTGTCCAG GGGGCACAGA AGGGTGGTGA GTGTGATCAA ATCTAGTCTC1680
ACTCCCACTT TTTTAGTCTC ACTCCTACTT TTGTCCACCA CCCCTGCCTC CTGGATCTTC1740
TCCCACTTTT TTTTTCAGCT TTAGGACCTG GGGAGATCCT GTGAGTCAAG GCAGACACCC1800
10 AATCCTGCCC CCACACTCGG GGGTCCCTCC AAGAGGTTGG GGGGCAGAGT CCCAGAGCAG1860
CCCTTTACCC CAGGTCCAGG CCCTGGAAAT CTGAGACTCG CGTTCTCTTG GCCAGTGGTA1920
ACACAGGACG TGTGTGCGCA TGTGCAAGTG TGGATGTATG TGTGTGCGTG TGTTTTGCTC1980
ATTCTTTTAG GGAACCTGGG AGTCGGGGTT GGAGGTGCTG GGCAATGGAA CTCAAATTC2040
AATGTCGCCC AGCAGTGAGG GGAGTCGGGA GGTGAGGCCT GTAGGCCAAC CAATTGGTGG2100
15 AGTCTCAGCG ATAGCCCAGG TGAGAAAGTG TTCACCCAGA GGGGCAGGGT GGGGGCCTCG2160
GGCAGATCTG TCCCTCTTGG GCACCTCTGT CCTCAAATGT CCAAAATGTT GGAGGACCTC2220
TGTTTCATATC CCACGCCTGG GCTCTTGCCA GCAGTGGAGT TACTGTAGAG GGATGTCCA2280
AGCTTGTTTT CCAATCAGTG TTAAGCTGTT TGAAACTCTC CTGTGTCTGT GTTTTGTG2340
TGCCTGTGTG TGAGAGCACA TCAGTGTGTG CAGGCTGTGT TCCCCATTT CTCTCCTCCC2400
20 TTCAGACCCA TCATTGAGAA CAAATGTAAG AAATCCCTTC CCACCACCT CCCTGCCTCC2460
CAGGCCCTCT GCGGGGGAAA CAAGATCACC CAGCATCCTT CCCCACCCCA GCTGTGTATT2520
TATATAGATG GAAATATACT TTATATTTTG TATCATCGTG CCTATAGCCG CTGCCACCGT2580
GTATAAATCC TGGTGTCTGC TCCTTATCCT GGACATGAAT GTATTGTACA CTGACGCGTC2640
CCCCTCCTG TACAGCTGCT TTGTTTCTTT GCAATGCATT GTATGGCTTT ATAAATGATA2700
25 AAGTTAAAGA AAACCAAAA

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1845 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 224:

```

AGGGGGAGGT GCGAGCGTGG ACCTGGGACG GGTCTGGGCG GCTCTCGGTG GTTGGCACGG 60
GTTCCGACAC CCATCAAGC GGCAGGACGC ACTTGCTTA GCAGTTCTCG CTGACCGCGC 120
TAGCTGGTGA GTGTCCCTTC TGTGTGTGGG TCCTAGAGCT CGCGGTCTGG TCTGGTCTGG 180
55 TCCCCAGACT GACGCCTGGT CGGTCCCCCT CTTGTCTTAC AGCGGCTTCT ACGCTCCGGC 240
ACTCTGAGTT CATCAGCAA CGCCCTGGCG TCTGTCCTCA CCATGCCTAG CCTTTGGGAC 300
CGCTTCTCGT CGTCGTCCAC CTCCTCTTCG CCCTCGTCCT TGCCCCGAAC TCCCACCCCA 360

```

5 GATCGGCCGC CGCGCTCAGC CTGGGGGTG GCGACCCGGG AGGAGGGGTT TGACCGCTCC 420  
 ACGAGCCTGG AGAGCTCGGA CTGCGAGTCC CTGGACAGCA GCAACAGTGG CTTGGGGCCG 480  
 GAGGAAGACA CGGCTTACCT GGATGGGGTG TCGTTGCCCG ACTTCGAGCT GCTCAGTGAC 540  
 CCTGAGGATG AACACTTGTG TGCCAACCTG ATGCAGCTGC TGCAGGAGAG CCTGGCCCAG 600  
 5 GCGCGGGCTGG GCTCTCGACG CCCTGCGCGC CTGCTGATGC CTAGCCAGTT GGTAAAGCCAG 660  
 GTGGGCCAAG AACTACTGCG CCTGGCCTAC AGCGAGCCGT GCGGCCTGCG GGGGGCGCTG 720  
 CTGGACGTCT GCGTGGAGCA GGGCAAGAGC TGCCACAGCG TGGGCCAGCT GGCAGCTCGA 780  
 CCCAGCCTGG TGCCCAOCTT CCAGCTGACC CTCGTGCTGC GCCTGGACTC ACGACTCTGG 840  
 10 CCCAAGATCC AGGGGCTGTT TAGCTCCGCC AACTCTCCCT TCCTCCCTGG CTTAGCCAG 900  
 TCCTTGACGC TGAGCACTGG CTTCCGAGTC ATCAAGAAGA AGCTGTACAG CTCGGAACAG 960  
 CTGCTCATTG AGGAGTGTG AACTTCAACC TGAGGGGGCC GACAGTGCCC TCCAAGACAG 1020  
 AGACGACTGA ACTTTTGGGG TGGAGACTAG AGGCAGGAGC TGAGGGACTG ATTCTGTGG 1080  
 TTGGAAACT GAGGCAGCCA CCTAAGGTGG AGGTGGGGGA ATAGTGTTC CCAGGAAGCT 1140  
 CATTGAGTTG TGTGCGGGTG GCTGTGCATT GGGGACACAT ACCCTCAGT ACTGTAGCAT 1200  
 15 GAAACAAAGG CTTAGGGGCC AACAAGGCTT CCAGCTGGAT GTGTGTGTAG CATGTACCTT 1260  
 ATTATTTTGG TTAGTGACAG TTAACAGTGG TGTGACATCC AGAGAGCAGC TGGGCTGCTC 1320  
 CCGCCCAGC CTGGCCCAGG GTGAAGGAAG AGGCACGTGC TCCTCAGAGC AGCCGGAGGG 1380  
 AGGGGGGAGG TCGGAGGTG TGGAGGTGGT TTGTGTATCT TACTGGTCTG AAGGGACCAA 1440  
 GTGTGTTTGT TGTGTTTGT GTATCTTGT TTTCTGATCG GAGCATCACT ACTGACCTGT 1500  
 20 TGTAGGCAGC TATCTTACAG ACGCATGAAT GTAAGAGTAG GAAGGGGTGG GTGTCAGGGA 1560  
 TCACTTGGGA TCTTTGACAC TTGAAAAATT ACACCTGGCA GCTGCGTTTA AGCCTTCCCC 1620  
 CATCGTGTAC TGCAGAGTTG AGCTGGCAGG GGAGGGGCTG AGAGGGTGGG GGCTGGAACC 1680  
 CCTCCCCGGG AGGAGTGCCA TCTGGGTCTT CCATCTAGAA CTGTTTACAT GAAGATAAGA 1740  
 TACTCACTGT TCATGAATAC ACTTGATGTT CAAGTATTAA GACCTATGCA ATATTTTTTA 1800  
 25 CTTTTCTAAT AAACATGTTT GTTAAACAA AAAAAAAAA AAAAA 1845

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 9390 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 225:

50 GGCAATTTCT TTTCCTTTCT AACTGTGGCC CGCGTTGTGC TGTTGCTGGG CAGGCGTTGG 60  
 GCGCCGGCGG TCTTCGAGCG TGGGGGCCCG CTGGCTTTCC CTTCTCAGAA ACTGCGCCGG 120  
 GGGCGCTCGC TTGCCCCGGA TTCGGACGCG GCGCTCCCCG GGCTCGTCTG AAGTGCAGAT 180  
 55 CGCCCGCAGAG GCCCCAGTGC CCGGATGTCC ATCAGGATTA GCGCGAGCCA ATACGGGGCCG 240  
 AGCCCGGGGG TGCGCCGAGG ACGCCCGGGG CTCGAGAGCA GGTAGTCCCG TAACATCGGG 300  
 GCGCCGCGCC GGGACGCGTC CCCGCCCGGC TCCGCCAAAT GGTGAGCGCG GCGCTGGCAG 360

CAGGGCCCCC GGGGTGAAGG CGCTCATGGA CGGAAGACCC CTGGCTCTAT AAGCTGAATT 420  
 ATGGCAGCCC AGTCAAGTTT GTACAATGAC GACAGAAACC TGCTTCGAAT TAGAGAGAAG 480  
 GAAAGACGCA ACCAGGAAGC CCACCAAGAG AAAGAGGCAT TTCCTGAAAA GATTCCCCCT 540  
 TTTGGAGAGC CCTACAAGAC AGCAAAAGGT GATGAGCTGT CTAGTCGAAT ACAGAACATG 600  
 5 TTGGGAAACT ACGAAGAAGT GAAGGAGTTC CTTAGTACTA AGTCTCACAC TCATCGCCTG 660  
 SATGCTTCTG AAAATAGGTT GGGAAAGCCG AAATATCCTT TAATTCTCTGA CAAAGGGAGC 720  
 AGCATTCCAT CCAGCTCCTT CCACACTAGT GTCCACCACC AGTCCATTCA CACTCCTGCG 780  
 TCTGGACCAC TTTCTGTTGG CAACATTAGC CACAATCCAA AGATGGCGCA GCCAAGAAGT 840  
 GAACCAATGC CAAGTCTCCA TGCCAAAAGC TCGGGCCAC CGGACAGCCA GCACCTGACC 900  
 10 CAGGATCGCC TTGGTCAGGA GGGGTTCGGC TCTAGTCATC ACAAGAAAGG TGACCGAAGA 960  
 GCTGACGGAG ACCACTGTGC TTCGGTGACA GATTTCGGCTC CAGAGAGGGA GCTTTCTCCC1020  
 TTAATCTCTT TGCCTTCCCC AGTTCCTCCCT TTGTCACCTA TACATTCCAA CCAGCAAAT1080  
 CTTCCCCGGA CGCAAGGAAG CAGCAAGGTT CATGGCAGCA GCAATAACAG TAAAGGCTAT1140  
 TGCCACAGCA AATCTCCAA GGACCTAGCA GTGAAAGTCC ATGATAAAGA GACCCCTCAA1200  
 15 GACAGTTTGG TGGCCCTGCG CCAGCCGCCT TCTCAGACAT TTCCACCTCC CTCCCTCCCC1260  
 TCAAAAAGTG TTGCAATGCA GCAGAAGCCC ACGGCTTATG TCCGGCCCAT GGATGGTCAA1320  
 GATCAGGCCC CTAGTGAATC CCCTGAAGTG AAACCACTGC CGGAGGACTA TCGACAGCAG1380  
 ACCTTTGAAA AAACAGACTT GAAAGTGCCT GCCAAAGCCA AGCTCACCAA ACTGAAGATG1440  
 CCTTCTCAGT CAGTTGAGCA GACCTACTCC AATGAAGTCC ATTGTGTTGA AGAGATTCTG1500  
 20 AAGGAAATGA CCCATTCATG GCCGCCTCCT TTGACAGCAA TACATACGCC TAGTACAGCT1560  
 GAGCCATCCA AGTTTCCTTT CCTTACAAAG GACTCTCAGC ATGTCACTCA ATTCTCAGCA AGGAACGTCA1680  
 AACCAAAAAC AATATGATAC ATCTTCAAAA ACTCACTCAA ATTCTCAGCA AGGAACGTCA1680  
 TCCATGCTCG AAGACGACCT TCAGCTCAGT GACAGTGAGG ACAGTGACAG TGAACAAACC1740  
 CCAGAGAAGC CTCCCTCCTC ATCTGCACCT CCAAGTGCTC CACAGTCCCT TCCAGAACCA1800  
 25 GTGGCATCAG CACATTCCAG CAGTGCAGAG TCAGAAAGCA CCAGTGACTC AGACAGTTCC1860  
 TCAGACTCAG AGAGCGAGAG CAGTTCAAGT GACAGCGAAG AAAATGAGCC CCTAGAAACC1920  
 CCAGCTCCGG AGCCTGAGCC TCCAACAACA AACAAATGGC AGCTGGACAA CTGGCTGACC1980  
 AAAGTCAGCC AGCCAGCTGC GCCACCAGAG GGCCCCAGGA GCACAGAGCC CCCACGGCGG2040  
 CACCCAGAGA GTAAGGGCAG CAGCGACAGT GCCACGAGTC AGGAGCATT TGAATCCAAA2100  
 30 GATCCTCCCC CTAAAAGCTC CAGCAAAGCC CCCCAGGCCC CACCCGAAGC CCCCCAGCCC2160  
 GGAAAGAGGA GCTGTCAGAA GTCTCCGGCA CAGCAGGAGC CCCCACAAAG GCAAACCGTT2220  
 GGAACCAAAC AACCCAAAAA ACCTGTCAAG GCCTCTGCCC GGGCAGGTTT ACGGACCAGC2280  
 CTGCAGGGGG AAAGGGAGCC AGGGCTTCTT CCTATGGCT CCCGAGACCA GACTTCCAAA2340  
 GACAAGCCCA AGGTGAAGAC GAAAGGACGG CCCCAGGCGG CAGCAAGCAA CGAACCCAA2400  
 35 CCAGCAGTGC CCCCCTCCAG TGAGAAGAAG AAGCACAAGA GCTCCCTCCC TGCCCCCTCT2460  
 AAGGCTCTCT CAGGCCCCAGA ACCCGCGAAG GCAATGTGG AGGACAGGAC CCCTGAGCAG2520  
 TTTGCTCTTG TTCCCTGAC TGAGAGCCAG GGCCACCCC ACAGTGGCAG CGGCAGCAGG2580  
 ACTAGTGGCT GCCGCCAAGC CGTGGTGGTC CAGGAGGACA GCCGCAAGA CAGACTCCCA2640  
 TTGCTTTTGA GAGACACCAA GCTGCTCTCA CCGCTCAGGG AACTCCTCC CCCACAAAGC2700  
 40 TTGATGGTGA AGATCACCTT AGACCTGCTC TCTCGGATAC CCCAGCCTCC CGGGAAGGGG2760  
 AGCCGCCAGA GGAAAGCAGA AGATAAACAG CCGCCGCGAG GGAAGAAGCA CAGCTCTGAG2820  
 AAGAGGAGCT CAGACAGCTC AAGCAAGTTG GCCAAAAAGA GAAAGGGTGA AGCAGAAAGA2880  
 GACTGTGATA ACAAGAAAAT CAGACTGGAG AAGGAAATCA AATCACAGT ATCTTCACT2940  
 TCATCTCTCC ACAAGAATC TTCTAAAACA AAGCCCTCCA GGCCCTCCTC ACAGTCTCA3000  
 45 AAGAAGGAAA TGCTCCCCC GCCACCCGTG TCCTCGTCTT CCCAGAAGCC AGCCAAGCCT3060  
 GCACTTAAGA GGTCAAGGCG GGAAGCAGAC ACCTGTGGCC AGGACCCTCC CAAAAGTGCC3120  
 AGCAGTACCA AGAGCAACCA CAAAGACTCT TCCATTCCCA AGCAGAGAAG AGTAGAGGGG3180  
 AAGGGTCCA GAAGCTCCTC GGAGCACAAG GGTTCTTCCG GAGATACTGC AAATCCTTTT3240  
 CCAGTGCCCT CTTTGCCAAA TGGTAACTCT AAACCAGGGA AGCCTCAAGT GAAGTTTGAC3300  
 50 AAACAACAAG CAGACCTTCA CATGAGGGAG GCAAAAAGA TGAAGCAGAA AGCAGAGTTA3360  
 ATGACGGACA GGGTTGGAAA GGCTTTTAAG TACCTGGAAG CCGTCTTGTC CTTTATTGAG3420  
 TGCGGAATTG CCACAGAGTC TGAAAGCCAG TCATCCAAGT CAGCTTACTC TGTCTACTCA3480  
 GAAACTGTAG ATCTCATTA ATTCTAATG TCATTAATAA CCTTCTCAGA TGCCACAGCG3540  
 CCAACACAAG AGAAAATATT TGCTGTTTTA TGCATGCGTT GCCAGTCCAT TTTGAACATG3600  
 55 GCGATGTTTC GTTGTAAGAA AGACATAGCA ATAAAGTATT CTGTAATCTT TAATAAACAC3660  
 TTCGAGAGTT CTTCCAAAGT CGCCCAAGGA CTTTCTCCAT GCATTGCAAG CACAGGCACA3720  
 CCATCCCTC TTTCCCAAT GCCTTCTCCT GCCAGCTCCG TAGGGTCCCA GTCAGGTGCT3780  
 GGCAGTGTGG GGAGCAGTGG GGTGGCTGCG ACTATCAGCA CCCAGTCAC CATCCAGAAT3840  
 60 ATGACATCTT CCTATGTAC CATCACATCC CATGTTCTTA CCGCCTTTGA CCTTTGGGAA3900  
 CAGGCCGAGG CCCTCACGAG GAAGAATAAA GAATTCCTTG CTCGGCTCAG CACAAATGTG3960  
 TGCACCTTGG CCCTCAACAG CAGTTTGGTG GACCTGGTGC ACTATACAG ACAGGGTTT4020  
 CAGCAGCTAC AAGAATTAAC CAAAACACCT TAATGGAGCC CCAGGTTGAT TCAATGCCTT4080  
 GGGAACTATT TTTGCACATT GGAAGCTCA AAAACAGTCC AGACGTTTGT TTCATCAGGA4140

5 CACCAAACCTC TAAAAAAGAA GCACCACGAG ATGGCCAGGA CATTGTGCTCA CTAAACTCT4200  
CAACAACAGT GTGATCATTG GTTGGACACT GTGGTTATGC AGAAGCAGAG ATGAGGAGGC4260  
TGGCCCCAGA GATGATCTTG CCCTTCCTAA CTAAAGGACA GAAGTGCAAT TTAGCTTAAA4320  
TGGGTGTATG AATGGTCTAG AAACATTCTT ATTTTTTTTT TAAACCAGCA GGATACAAGT4380  
TGCAAATGAA ATGAGGAGAA ACAGTTTCAA CTCTGAAAGT GAATTTACAG TCATCTCAGT4440  
AGCCACGCTA GTCCATTCCC AGAAGGAAAT TTTTTTTTTT AACAACTGACT TTTGGTAAAG4500  
GGTTTTGTGG ATGATTTTTT TTCTTTTGAG TTTTGGGAGA AATATTTGTT TAATAACTTC4560  
TAATGGCCAT CTGTAAACCA TAAGTAATGA AGGACTCCAC TGTGCCCCAC TTTCTGCCAA4620  
TGAACAGTGG CTTGATAATA CCAAGTATTG TTGTAATTTA TAAAATTGAA GGCAACCCCC4680  
10 GCTCCTGCCG CCCCCAATCT CCCCATTGCC TAGAGCGCTG CACATTGACC CCAGCTCTGA4740  
CTTCTCATTA CTGTGCTGAA AGTCAGCCCA CGTCGGAGCG GTGAGGAGGA GCCACAGCAC4800  
ATGGGGTGCC ACCTCGAGGT CTGCACAGGA GGACTTGGCG CTGCCATTTC CTACCCCTGC4860  
CATTTCCCAC CCCTGCTTCA GCGAAAGGGA CTCTCTAACA GGGCAGTCAC TGTGACTCT4920  
ATTCTGAATT TCCTCCCTTG GGGAGAAGG GAACCAACAT TTATACCTGA CCAGATGGCT4980  
15 AAAGTGCTTT TAAAGTTTGT TTTAAGTAGA GCTGGAATTT GAGGTGCTGA TCTGTGGTCT5040  
ACAGTTATGT GGTAACCTCAT GTTGTCCAGC CAACTCAGAG TTTCTGCTAGT GAACAAGAAA5100  
CATGAAATCT GCTTCTTAGA GAGGCTATAT TTTTCTGCTA CAAATATTTT ATATTTATAG5160  
CAAACTAGA CTTTCAGAGT CTTTGATTGT CTAGGGGAAG TTAACCTCCCT GAGAGGATGT5220  
AGAGATTTGG GGTGGTTGAT TAGACTTTTG AAAAATCAT CACCACATGC CTTCACTCCA5280  
20 GAGTGTCTC AGCTAGATTT GATTTGGTTG AGGAGGAACT GTGGCCCTCC GTAAGTTATT5340  
GCCATAGTGT ATGCATTAAA CCAAGTCCAT TTTGAATGAC CTAAAATGAA GTAACACAAT5400  
CAGAAATCCC ATGTGCCCAT AAGCACAGAT TTTTCTTTTT CATTGAAACT TTAAAGGTTA5460  
TTATTGGAAA CATTACTTTG AGTGCAGTGT TTTTAAAAGC CAATTCCTTT TTATCCCTTT5520  
TAGAAGTAGA ATTTGCACAC TTAATAAAGT TGAGGAGTGT CATCTCTATA ACTTTTCTC5580  
25 CGCCTTTGTC CCATTCTGCC CCTGGACATG TTTCTACCA AGCATGTTTC ACATTTCTC5640  
ATTAGTGGAG GAGGGAGAAC CATATTTATT TATAATGAAG ACATCTAAGA TCCCTATGAT5700  
GAATGCAGGA ACTCTCTTGG TAGTTTGTA ATACACAAAG GGATGTGTCG AGGGATGGGA5760  
GCGATGCTTA TCTCTCACAG TGTGAGTGGT CTGTGTGAGG CTGTTCCCTC AGTTCTTCTC5820  
CAGAGTGTTC TTTGGTTGTC ACTTAAGTCA GAGGTCTGGT CCTCATGTT TAGGTGAAAG5880  
30 CCAGAGAATG ACAGCTGTAG TCATATCTGA JCATAAGACC TTGATGTGTG ATTCTGATG5940  
ACCGGTTTCA TTTATTCATG TAATAAAGCA AAGGCCCTGG TCCTTTTTTA ACTACTAGTT6000  
TTAAAAACCT GTGTAAATG AACAGTAATT GCCTGGTAGG TTTGGTGTGT GTGTAGCAT6060  
GTGTGTCCAT CTGTATATG TAAAGGACAA GGCACCAGAA TCAGGCTTTA TTTCGATATT6120  
GAAGATGTTA TTTAATCATCT TTCTTTTTTC TTTACTCCCT TAGCCATCCC CTCCCCCTTT6180  
35 GTCCTATCAT TCCCTAGAAC AAGCCACCTG CTAATTGTGA AGGGTTGTGT TCTTTATGGC6240  
AGGTTCTATG CAGATTGTGC CAGAGCATGT GCGTGTCTG TTGGCAAGCC ACAGTGCTCC6300  
CTTGACTGAA GACATTTCCA GGTAGATTTT TCAGCCAGCT CTAAAACAGA TTGCTTTTTT6360  
AGTGGCCTTA CTCTTTGTGG GTTTTTTTTT TTCTCTGAAC TTGATATAAA GATTTTATTT6420  
GTCCCTTGAA AAAGTAACAA ATGTGCATAG ATCAATTTGT ACTACTTTGG TCATTGGATA6480  
40 TTTCTGATCC TTATTGCATT GTACCTAAAG GAGAGTAACT AATGGTAACC TTTTAAATAG6540  
AGTATGTGAA AGGTAGTGGC TGATGAATCC TTAACGTTC TAGGGTCTTT TTGCTGTAC6600  
GGTTGTATAT AGAGGTCTGA AGGATTTTGA AAATGATTTG CACTTTTTCA CTGCATGCTT6660  
ACAATCCCCA AAGGCAAAAT CTGTACTGAG GTAGATCATT TGAAAGGGCT AGATTATAAA6720  
ATTAAGCCTT AGAGTATGGA AAGTTCTTAT AACAATAATA GTACACACTT CAGAGTAAGA6780  
45 CAAATGCAAA GCATCTTAAG GAGTGAATAT AGAGTCTAAA TCTTGCTTTT GGCACACAA6840  
GGTGTGTGTG TGTGTGTGTG TTGTGTGTCT TTAGTAGGAA ATGGAAGAAC ACTGTTTTAT6900  
TTTTTAAAGT GTTTAATGTT TCTGTCTTT CTGTGAATTA TTGAATTTAA GAGCCCTGCT6960  
AAATAATGAA AAAACACTTT ACTAAAATTT ATCAAATTAT ACTGGGTTTC GATTGTGAAA7020  
ACATTGGCCA CCTAGTAGCA GTGGTGAGGA GTGGGAGGGC CCAGCAAGCA TTTATCAGAA7080  
50 ATAGAATCAC AATAGGAGGA GAATTTGGCT GTCTGATATT ATGATTTGAT TACAATACTG7140  
AATGGGAAAA GTATCTAATA TTTTGTAAAC AAAAGACCTT CATATTATCT GTTTTGACCA7200  
AAATATGTAG CTATTTCCCT TACACAGATT GGACCGCACT TATCTCCCTT GTCCTGTATC7260  
CTTTAATTTT AGGTCTCAGG ATGTTTAGAA AGCTAAAACC CCCTACCCCT TTCTGGCTGA7320  
AACTTGCCT TATTTGGTAT CTTACACATT AATGTTACTA GCATCAGGAG CTTACTGTTT7380  
55 TATTATGATT CATCTTCAGT AATTTTTAGA AGCAAGAAGA AAGCCATTGT GTCTCTACA7440  
ATTAACAAAA CTTATCTCTG ATATACAAAG GGATATAAAT ATATACACTT AAATAGAGAA7500  
AAAGAGGTTG ATTGAATTGT GCCTTTGAGT GAACCCAGTT TTTAAATACC GCTGTGTTT7560  
TTTCGCCATG GCTTCAGGGA TGCTACATGG CTCTTGACAC TTTTACTCCT CTGCTTTATG7620  
AAGTTTGAGT TGTATTTGTG CATCTTAAAG TAGGTTGAGG CTTGAGGCTG GGCTTTCCGG7680  
60 TTTTGTGTT TTTTGTGTTG TTTTGTGTTG TTTTGTGTTT TTGTACTTAA ACCTGCTTGC7740  
TTCTTACCAC AGATTCTTTA TTTTCCAAA CACTACAAA AACTTTTTAA AACTTTGCCA7800  
TTTCATCTGT TTACACTCTT TGCCACTGAT TAGCAGTATT TAAATCTTGC AAGAATATTT7860  
TGTGCTTTCT TTAGAAACAC AAGAGTATAG ATTTTCTCA CTGAAAAGTG AGAGTTACGC7920

```

ATTGCAGCCA TGAAGGGATG CTAGGATCAA TTATGGCAGT ACCTTTTTTC CCCTCCTGTT7980
CTTGAGCCAG TTGTCTCTTT TGTTTTGGGT CCCACTTAGG ATTAACGGAT GTAAGGTATT8040
TTCTGTGCC TTTATTTTGT GTCATTCTAT TGGAGGAGG TGTAACGGCA GAATAGCATC8100
GTGTTGGGGG TTTTCCTTCA AACACTGCAA GTGATATTGC CACCATGTGA ACCTCAAATA8160
5 TGCAATCCAG TTGTGTTGGT TTCTCGGTGA CTGGAGTGT TCATCTCTTC ATGAATTGTG8220
AGCACTGACC ATGTTCTTCA GTTCTTAATT ATGGTGAGTT GACAAATACC AACTACTGCT8280
TTTCTTTAGG TGGCTATAAA TTTCTTACTG TCAGGAGGAA ATGACATTAT ATTCTGTTCC8340
ACTGAACGTC AGAGATCAGC AGGCCTGTA CTGGGTAGAG AAGTGCCTAT ACTTCTCTAC8400
CTAAGAGGGC AGGAGGGAAA CCCTACAGCT CTTGTGAGC CTATATATTA GTATATCGGC8460
10 CTGGAGAGGA CAAAGGGAATA AGACCACTCA TAGTGAGGCT GGCCAAGCTG CACTGGTCGG8520
ACCAGGCAGT GGCTGACCTA AGGAAGGCAA CTTGCTTTGC TTAAAAGTAG ATTTTTTAAG8580
CAATGCTTAA CACAGGCAGC ATTCACCTTT GTTCAGGCCA TCGACATGTA TTGTTAAAT8640
TACTGCATAT CCCCTCAGA TATCAAGTAT ACACTGTTCA TGTGGGGTT GTGTGTGT8700
ATGTGTGTAT GTACGCACGC ATGTGTCCCA AATCTTGT TTATTTTTTT TTTCTGAAT8760
15 TGATCATGTT TTGGATAATA CCTGAGCAGG GTTGCCCTTT TTTTATTTAT TACCATTATA8820
TATTATATTA TATTATATAT TTTTGCTTT CTTATAACTT TGGAGGAAAG TCAAACTCTG8880
GTATTATTAA AATTGTTTTA AAAAGGAGTA AATTTCCAG TTGATAAATG AAAATCACTG8940
GCCTATGTTT AATAAGTTTT TCTTTAATTA CTGTGGAATA ACGTGCCAGC TATCATCAAC9000
ACAATGATTT TGTACATAGG GTAGGGAAGC AGTGATGCTC TCAATGGGAA GATGTGCAAC9060
20 ACAAATTAAG GGGAACTCCA TGTATTTTAC CTACTTCAGC AATGGAAGT CAACTTGGGG9120
CTTTGTGAAT AAAATTTAGC TGCCTGTAT AGTCGTTTGA AAGAATATGT GATCTGTGAG9180
AGAATTATAG TTTTTTTTGA GAAGAAAAAT CTGCAAAAGA TCTTTCCAAA GACAATGTGC9240
CACAGATCTT TTGTTCTCTG TAATGAGGAT TAATTGCTGT TTAAACAAAA ATGTAATTGT9300
TCATCTTTAA ATTCTTTCTT TTTTATAAGA GGATCAAGCT GTAAAAAAC AAAAAAATTA9360
25 ATAAAAATTT CGAGAAATCA AAAAAAATAA
9390

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 1268 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRang: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 226:

```

CTCGCCCTTT GTCCGCCCAA GCCTTAATCC GCCGCTCTTG GGGAACTTG TCACCCCTCA 60
GAGTTCCGGT TCCGGAATTT CTCGGGTCGA ATTACACCAT CTAATAAATT CGCCGGCCGC 120
GTCAACTGTA ATACGACTCA TTTAGGCCAA AACTTTTTTT CTTTCTTGTG TTTTTTATTC 180
55 TTACATGATT TGCTAATTGC TTTATTCAGA AGAGACCCCT CGGAGTACAG CTTCTTTGGT 240
TAAGCACGGA GTTGAGGTGG AGGAGAGCAG TAGAAGGCTG GAAATCTGCT GGATGTCTCA 300
TTCTGGGTGG GTATAGAAGG GCTCCTGCCT GGCCTCTAGG ATGGGTGAGG GATGCTTTCT 360

```

```

3CATGGCCAA GGAACCTGGT TAGGGTAGGG AGGGAGGGTA TGAGAGAGGG AAATTCAGCA 420
CTGGGTGGAA GGTTCACAGG GAAGAGGGGA CTCAGCAACG AGGGGTGCTC CCTCTGCAGT 480
GTTTATTGGA ATAGTACTGG TACTTTTTAT TGTAGGTCGT CTTGTTTCTA GCAAAACAGG 540
TGGCAGCAGC CTTATCACAC TCACACAGTT GACTTCTGCA GGAGTCTGT TTTGCACAGG 600
5 TGATTCTGCT CCCCGAGTTG CTAACCTTGT AGCTCAGAAA TTTGGTGCCA CATCCACGTT 660
TCTCCAGACG TTTGTAGCAA CAGTCATGAG TGACACAGCA GCGATCCGTT GCATCCTTGG 720
GGGATCCTCT GCCACCCACG CCACAGTGGC AGCCGTAGAA GCCATAACTG AGTGCGGGCTT 780
CCTTCTCTGT CGTCAACTTG ATCATCTCTG GGAATTCAC CAAATTCCTA TGGGCCTGCA 840
GTAGGCCAAA GATCATGATC ACTGCCAACA GTAGGAGGGT CTTCATGGTA AGAGTTCTTG 900
10 GGTGACAAAT GCAGATGGAC TGGCCTAGCT CCTCTGCTGG GTGGTCTCAA CTTCTGCCCC 960
GGCCGTCGCT CCCCTGCTCC TCCTTGGTGG CTCTCTCAGA GGAATTCCTA GTTGTATCCC1020
CAGGCCGTCT TGTGTTGTTT GCACTCCTGC TCCCCTTAAA TAGCTGCTCC CTCTGGGAGG1080
TTGGGGGTAG TGTAGGCACA AGGCTGGGGA TGGGCGTGGT CAGTTGGTGG ACTCAGGATT1140
GGTCGCCCAT ACCCCTAGGT AATCCCTTTC CTTCCCCTCA TCAGCTGGCA GGACAGAGTT1200
15 GAGGATTGGG AAACCTTACG TGTCACTAGC TGATGCCAAA ACACATTTC GGCAGTTTGT1260
CAGTCTTT 1268

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

### 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1417 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 227:

```

ACAACGTAAG AGAGGAGCCT GGCTCTCAAT TTAATTGTTC ATATTCTTGC GATGAGATGG 60
ACTTGAGGGA GCTAAGAGCA TAGCTAGAAA TACAGATAAT TCCACAGCAC ATCTCTAGCA 120
45 AATTTAGCCT ATTCCTATTC TCTAGCCTAT TCCTTACCAC CTGTAATCTT GACCATATAC 180
CTTGAGTTG AATATTGTTT TCATACTGCT GTGGTTTGAA TGTTCCTCC AACACTCATG 240
TTGAGACTTA ATCCCTAATG TGGCAATACT GAAAGGTGGG GCCTTTGAGA TGTGATTGGA 300
TTAATGGGTT ATCAGAGGAA TGGGACTGGT GGCTTTATAA GAAGAGGAAA AGAGAACTGA 360
GCTAGCATGC CCAGCCACA GAGAGCCTCC ACTAGAGTGA TGCTAAGTGG AAATGTGAGG 420
50 TGCAGCTGCC ACAGAGGGCC CCCACCAGGG AAATGTCTAG TGTCTAGTGG ATCCAGGCCA 480
CAGGAGAGAG TGCTTGTGG AGCGCTGGGA GCAGGACCTG ACCACCACCA GGACCCAGA 540
ACTGTGGAGT CAGTGGCAGC ATGCAGCGCC CCGCTTGGGA AGAGCTTTAG GCACAGCCT 600
GCAACCCAGT TCGAGCAGCC ACGTAGGCTC CACCCAGCAA AGCCACAGGC ACGGGGCTAC 660
CTGAGGCCTT GGGGGCCCAA TCCCTGCTCC AGTGTGTCCG TGAGGCAGCA CACGAAGTCA 720
55 AAAGAGATTA TTCTCTTCCC ACAGATACCT TTTCTCTCCC ATGACCCTTT AACAGCATCT 780
GCTTCATTCC CCTCACCTTC CCAGGCTGTT TTTTTTTTTT TTTTGTGATG CTCAAACACA 840
GCTTTTATTT TACTTCAAAG TTTACCTCAG ATCAGCCTGG GAAGGTGAGG GGAATGAAGC 900

```



AGATGCTGTT AAAGGGTCAT GGGAGAGAAA AGGTATCTGT GGGGAAGAGAA TAATCTCTTT 960  
 TGAATTCGTG TGCTGCCTCA CGGACACACT GGAGCAGGGA TTGGGCCCCC AAGGCCTCAG1020  
 GTAGCCCCGT GCCTGTGGCT TTGCTGGGTG CAGCCTACGT GGCTGCTCGA ATGGGTTGCA1080  
 GGCTGGTGCC TAAAGCTTTC CCAAGGGGGC GCTGCATGCT GCCACTGACT CCACAGTTCT1140  
 5 GGGGTCCTGG TGGTGGTCAG GTCCTGTCTC CAGCGCTCCA CAAGGCACTC TCTCTGTGG1200  
 CCTGGATCCA CTAGACACTA GACATTTCCC TGGTGGGGGC CCTCTGTGGC AGCTGCACCT1260  
 CACATTTCCA CTTAGCATCA CTCTAGTGGA GGCTCTCTGT GGGCTGGGCA TGCTAGCTCA1320  
 GTTCTCTTTT CCTCTCTTA TAAAGCCACC AGTCCCATTC CTGTTGATAA CCCATTAATC1380  
 CCATTAACCC CATGCAATGC AAGGCCACAG CCTTCAC 1417

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2677 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STrang: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 20 hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

30

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 228:

35

CTGGAAGCCT GGAATCCCTT CCTGGACCCC TTTTGAAGCC CCAGGTTCCG GCTTGTGGAC 60  
 ACAGGGACAA GTCCCCCTTCT TCAGCATGTG CCCCCCTCAT CTCTGGTTGA GGTCTCATCC 120  
 GACAACCAAG CCCAGGAGAA GCCAAGGGAT GTATCATCTG TTGAACTCTT AATGAATAAT 180  
 CATCAAGGCA TCAAAGCTGA AATTGATGCA CGTAATGACA GTTTCACAAC CTGCATTGAA 240  
 40 CTTGGGAAAT CCCTGTTGNN CGAGAAAACA CTATGCATCT GAGGAGATCA AGGAAAAATT 300  
 ACTGCAGNTT GACGGAAAAG AGGAAAGAAA TGATCGACAA GTGGGAAGAC CGATGGGAAT 360  
 GGTTAAGACT GATTCTGGAG GTCCATCAGT TCTCAAGAGA CGCCAGTGTG GNCCGAGGCC 420  
 TGGCTGCTTG GACAGGAGCC GTACCTATCC AGCCGAGAGA TAGGCCAGAG CGTGGACGAG 480  
 GTGGAGAAGC TCATCAAGCG CCACGAGGCA TTTGAAAAGT CTGCAGCAAC CTGGGNATGA 540  
 45 GAGGTTTCTT GCCCTGGNAA AGGCNTGACT ACATTGGAGT TACTGGNAAG NTGCGCAGAC 600  
 AGCAAGAGGA AGAGGAGAGG NAAGAGGCNG GCCGCCTTCT CCCGAGCCGA GCACGAAGGT 660  
 TTCAGAGGAA GCCGAGTCCC AGCAGCAGTG GGATACTTCA AAAGGNNAGA ACAAGTTTCC 720  
 CAAAACGGNT TTGNCCAGCT NGAANCAGGG ATNCTNCCAC GGATGGCAGA AACGGTGGAC 780  
 ACAANGCGAA ATGGTCAACG GCGCTACAGA ACAAAGGACG NAGCTCTAAA GAGTCCAGCC 840  
 50 CCATCCCCTC CCCGACCTCT GATCNGTAAA GCCAAGACTG CCCTCCCAGC CCAGAGTGCC 900  
 GCCACCTTAC CAGCCAGAAC CCAGGAGACA CCTTCGGCCC AGATGGAANG GCTTCTCTCA 960  
 TCGGAAACAC GAGTGGGAGG CCCACNAATA AGAAANGCCT CAAGCAGGTC CTNNGGCACAA1020  
 TGTTTATTGT GTCATAAATA ACCAAGAAAT NGGGTTTCTA CAAAGATGCN AAAGACTGCT1080  
 GCTTCTGGAA TTCCCTACCA CAGCGAGGTC CCTGTGANGT TTGAAAGAAG CTGTCTGCGA1140  
 55 AGTGGCCCTT GATTACAAA AGAAGANAAC ACGTATTCAA GCTAAGACTA AANTGATGGC1200  
 AATGAGTACC TCTTCCAAGC CAAAGACGAT GAGGAAATGA ACACATGGAT CCAGGCTATC1260  
 TCTTCCGCCA TCTCCTCTGA TAAACACGAG GTGTCTGCCA GCACCCAGAG CACGCCAGCA1320

TCCAGCCGCG CGCAGACCCT CCCCACCAGC GTCGTCACCA TCACCAGCGA GTCCAGTCCC1380  
 GGCAAGCGGG AAAAGGACAA AGAGAAAGAC AAAGAGAAGC GGTTAGCCT TTTTGGCAA1440  
 AAGAAATGAA CTCCCTTCCT TCACCTCCTG CCCTTCTCTT ACCTTTTCAN GTGAAATTC1500  
 AGCATGCAAG CTNCAGAANC CAACACATTA CTCNTCTGTG CCTAATNGTT CCTCAATGTG1560  
 5 GTTGATTNT TTTTTTTTTT TAATTTATAG AGCATTTTCGN GGGGGGNGTN GGGGGAAACA1620  
 CACCTAAACA CTTTATCTCC AAGTTNACAA AAGTTTGAGG TNGCAGAGGG AANGGCCAGA1680  
 TTTNTTTTTT TNAATGNAAA TTATATNAGA TTAGATCTCA GTATTTNAAA CTGTTCTCA1740  
 ATTTTGTGAG GCTGTGTTGG AAATAACCCG CCTCTAGTGC TGTGGTATG CAAGGCAGCN1800  
 GGTGCTTAAT CAATATTTNC CTGTGCTCAC CAGAGGCAAA ATGTACCAAT ATCCTGACAC1860  
 10 CATTCTCTCT CCATTTACTT CTGGNNTGGT TACCCTGACT CTGACTCTT AGNAANGTGC1920  
 CCGAGATGGG GNCTAACCTT TATTAAACAG ATCGCATATT ATGATCNTTN GCTGCAGCCA1980  
 CAGTGACAGCT CCACATTAC TCTACAGNAC CAAACCATT GTATCTGGNC ATCANTTAC2040  
 TAACACACGA CNATGCGGNC TTTTCTNGCA TCAACTNGCT ATGACGGTTA AGAANTGTCA2100  
 GTATAACAAG AGGNAATAGA AACTGATAC TGNTTTTNA ATAATCTNGT AANTTTCAAT2160  
 15 TTTTTNTTT TTTTTTTGNC TNGAAATANC ATTATATTGT ACNGTTTGAG ATAANTTCTA2220  
 GTACAAANGT ATNAATNAAA ANCTAGATGT ANTAANNTAA ACCNNTTNA AATCNATTNG2280  
 GTAANGTGN ACAANGTGGT GGAANCTGAA GCNNATTTAC NTGGACAANA GTAATGTTAN2340  
 CTNCTAATGG TTAATTGCNT CNGTGCGTTG CCNACACTGT NGTTATAATT TGCTTCATTT2400  
 CCTTGCTATT TGATACATAG TGTGNCATTT CTCTGTCACT GTAACATTG TAATGACAAA2460  
 20 TTTTCATCTT ACTGCNACAA TCNAAAATGA CNATTGATAG GAATGAATC CAGAGGCTGG2520  
 GCCTNGAACA GGGAGGTGGT CGCTNCAGGC CTGGNTGCNT CAGTCGTACG ACCTGTACCT2580  
 CTNCAACTTT TGNCCCTATC TGTTNAAATA TATNGCNTAT GTCANTTNA ATGCTTTTNA2640  
 AATCNTAAAA AAAAAA AAAAAA AAAAAA 2677

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2242 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRang: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 229:

50 AGCCCCCTGC CCCTCGCCGC CCCCCGCCGC CTGCCTGGGC CGGGCCGAGG ATGCGGCGCA 60  
 GCGCCTCGGC GGCCAGGCTT GCTCCCTCC GGCACGCCTG CTAACCTCCC CCGCTACGTC 120  
 CCCGTTCCGC CGCCGGGCCG CCCGCTCTCC CCGCGGCCTC CGGGTCCGGG TCCTCCAGGA 180  
 CGGCCAGGCC GTGCCGCCGT GTGCCCTCCG CCGCTCGCCC GCGCGCCGCG CGTCCCCGC 240  
 CTGCGCCAG CGCCCCGCG CCGCGCCCCA GTCCTCGGGC GGTCCATGCT GCCCTCTGC 300  
 55 CTGCTGGCCG CCCTGCTGCT GGCCGCCGGG CCCGGGCCGA GCCTGGGCGA CGAAGCCATC 360  
 CACTGCCGCG CCTGCTCCGA GGAGAAGCTG GCGCGCTGCC GCCCCCCGT GGGCTGCGAG 420  
 GAGCTGGTGC GAGAGCCGGG CTGCGGCTGT TGCGCCACTT GCGCCCTGGG CTTGGGGATG 480

```

5 CCCTGCGGGG TGTACACCCC CCGTTGCGGC TCGGGCCTGC GCTGCTACCC GCGCCGAGGG 540
 GTGGAGAAGC CCCTGCACAC ACTGATGCAC GGGCAAGGCG TGTGCATGGA GCTGGCGGAG 600
 ATCGAGGCCA TCCAGGAAAG CCTGCAGCCC TCTGACAAGG ACGAGGGTGA CCACCCCAAC 660
 AACAGCTTCA GCGCCTGTAG CGCCCATGAC CGCAGTGCCT GCAGAAGCAC TTCGCCAAAA 720
 TTCGAGACCG GAGCACCAGT GGGGGCAAGA TGAAGGTCAA TGGGGCGCCC CGGGAGGATG 780
 CCCGGCCTGT GCGCCAGGGC TCCTGCCAGA GCGAGCTGCA CCGGGCGCTG GAGCGGCTGG 840
 CCGCTTCACA GAGCCGCACC CACGAGGACC TCTACATCAT CCCCATCCCC AACTGCGACC 900
 GCAACGGCAA CTTCCACCCC AAGCAGTGTC ACCCAGCTCT GGATGGGCAG CGTGGCAAGT 960
 GCTGGTGTGT GGACCGGAAG ACGGGGGTGA AGCTTCCGGG GGGCCTGGAG CCAAAGGGGG1020
10 AGCTGGACTG CCACCAGCTG GCTGACAGCT TTCGAGAGTG AGGCCTGCCA GCAGGCCAGG1080
 GACTCAGCGT CCCCTGCTAC TCCTGTGCTC TGGAGGCTGC AGAGCTGACC CAGAGTGGAG1140
 TCTGAGTCTG AGTCCTGTCT CTGCCTGCGG CCCAGAAGTT TCCCTCAAAT GCGCGTGTGC1200
 ACGTGTGCGT GTGCGTGCCT GTGTGTGTGT TTGTGAGCAT GGGTGTGCCC TTGGGGTAAG1260
 CCAGAGCCTG GGGTGTTCCT TTTGGTGTTA CACAGCCCAA GAGGACTGAG ACTGGCACTT1320
15 AGCCCAAGAG GTCTGAGCCC TGGTGTGTTT CCAGATCGAT CCTGGATTCA CTCACTCACT1380
 CATTCTTTCA CTCATCCAGC CACCTAAAAA CATTTACTGA CCATGTACTA CGTGCCAGCT1440
 CTAGTTTTCA GCCTTGGGAG GTTTTATTCT GACTTCCTCT GATTTTGGCA TGTGGAGACA1500
 CTCCTATAAG GAGAGTTCAA GCCTGTGGGA GTAGAAAAAT CTCATTCCCA GAGTCAGAGG1560
 AGAAGAGACA TGTACCTTGA CCATCGTCCT TCCTCTCAAG CTAGCCAGAG GGTGGGAGCC1620
20 TAAGGAAGCG TGGGGTAGCA GATGGAGTAA TGGTCACGAG GTCCAGACCC ACTCCCAAAG1680
 CTCAGACTTG CCAAGGCTCCC TTTCTTTCT TCCCCAGGTC CTTCTTTTAG GTCTGGTTGT1740
 TGCACCATCT GCTTGGTTGG CTGGCAGCTG AGAGCCCTGC TGTGGGAGAG CGAAGGGGGT1800
 CAAAGGAAGA CTTGAAGCAC AGAGGGCTAG GGAGGTGGGG TACATTTCTC TGAGCAGTCA1860
 GGGTGGGAAG AAAGAATGCA AGAGTGGACT GAATGTGCCT AATGGAGAAG ACCCACGTGC1920
25 TAGGGGATGA GGGGCTTCCT GGGTCTGTT CCTACCCCA TTTGTGGTCA CAGCCATGAA1980
 GTACCCGGA TGAACCTATC CTCCAGTGG CTCGCTCCCT GTAGCTCTGC CTCCCTCTCC2040
 ATATCTCCTT CCCCTACACC TCCCTCCCCA CACCTCCCTA CTCCCCTGGG CATCTTCTGG2100
 CTTGACTGGA TGGAAGGAGA CTTAGGAACC TACCAGTTGG CCATGATGTC TTTCTTCTT2160
 TTTCTTTTTT TTAACAAAAC AGAACAAAAC CAAAAAATGT CCAGAAAAAA AAAAAAAAAA2220
30 TAAGGAGGAG GTTGGGAAG AG 2242

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230 :

- 35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

```

50 QKIKNINXRR SXCLYIFLSE INPPSPARXE KEILHFLFSX TKGTXSSRXN LSXXDQXTPG 60
 XRAVSPHSDH METSLONGX? CPXPTKPKLX WSFPXLCSLH XSRKAQRQRQ LCPSXCHPPA 120
 HXWSXAPQGO GRQGLERGLW KDCSALCLRP LCWGHYRHA E 161

```

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231 :

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

15

```
TCVPARRPGL QLSCLOYYTG PSNATAGMET EGSCLENPKY YNYVAVLSLI ATIMLVQVSH 60
MVKLTLMMLV AGAVATINLY AWRPVFDEYD HKRFREHDLP MVALEQMQGF NPGLNGTDRL 120
PLVPSKYSMT VMVFLMMLSF YYFSRHVXKT XHGHFSCGKX 160
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232 :

(A) LÄNGE: 397 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

```
NQLSSIMVMF KKIKSFEVVF NDPEKVIYSG ERVAGRIVIVE VCEVTRVKAV RILACGVAKV 60
LWMQGSQQCK QTSEYLRVED TLLLEDQPTG ENEMVIMRPG NKYEYKFGFE LPQGPLGTSE 120
40 KGKYGCVDYW VKAFLDRPSQ PTQETKKNFE VVDLVDVNTD DLMAFVSAKK EKKVSCMFIP 180
DGRVSVSARI DRKGFCEGDE ISIHADFENT CSRIIVPKAA IVARHTYLAN GQTKVLTQKL 240
SSVRGNHIIS GTCASWRGKS LRVQKIRPSI LGCNLRVEY SLLIYVSVPG SKKVILDPL 300
VIGSRSGLSS RTSSMASRTS SEMSWDLNI PDTPEAPPCY MDVIPEDHRL ESPTTPLLDD 360
45 MDGSQDSPIF MYAPEFKFMP PPTYTEVDPC ILNNNVQ 397
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233 :

(A) LÄNGE: 187 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

10 IRGIDIHQIH YFKVFLCLLS WLARAVKKSL HPVYTPIFS FEGCSQRPLR KLKAELVLIF 60  
VSRSHDHHLI LTCWLVFQKK RVFIAQVLRS LFALLGSLHP KHFSHSASQD PNGFDTSNFT 120  
HLHYHPASHP LATAVHLFRV VKDHLKRLDL LEHHHDGTEL VLRVRNDGGR KKKLQIEETP 180  
LQKIISL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234 :

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

35 REKNFRPPFF FFFFFFFFFF FLGRSLGFIR SVGTLFRSEA PPSHGVGDGSG GRGNPSEHPG 60  
GCVVSMYFAL PHLFHGVPCQ GQALICGEGS KQRRRPFRGG ERAVAPRTPS PAHDIPEKET 120  
KIKPRGLST 129

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235 :

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

NKAPGPFFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY 60  
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236 :

- 10 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

25 REKKSPQRQN HNMSRRNKKL LDIPGSFLYD SGLQVKFLSL SSEEFELIPA KYFNLFITAS 60  
SPIFFLGKGM LGLGPKLLAG GGAMCHSITD GCKCFTEQGS GLQQL 105

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237 :

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

45 EKYEELRRKK KKKKRTNNLN CLLQNVGHFM LREEFQGMAM ECTSMWADFQ QTLFPLFKEL 60  
VDYCHSLHNP VGSSDPYKLE NIIFCLLMIQ LMPYSS 96

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238 :

50

- (A) LÄNGE: 255 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

AAAPVSLHDA AGDLRRDPGG GGGGGVPHGG GEGQEVVPAE PGVPAPQHA E PVAAAGAAQQ 60  
 LQTEEQPGLQ RLRLGPVRGA ARGGDARVRG PRGDRRVNPE SARALLPGDP QGPGTAAPRA 120  
 15 LGLPPRCEPV GAPLAALALA RERRERGRFP RPKCKLFFNS SQCELCCECV RGGAPALSRR 180  
 RVATPCPCPM VCNSDFAHRS TVPPSAHPFT LTPTLSLNTF IIVRRGRWDF GRSAAATASG 240  
 GLIFIFALRW LKAFI 255

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239 :

20

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGSVNGCA LGGTVERCAK 60  
 SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPPRTHSQO SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA 120  
 ARGAPTGSQR GGSPSARGAA VPGPCGSPGS RARALSGFTR RSPRGPRTRA SPPRAAPLTG 180  
 40 PSRSRWSPGC SSVCSG 196

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240 :

45

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

5

GQRCPRGTDL PEAPTLPLWV NHFSPGLSLR LHQLVGLQAS PPDSPHCWAT LNLKFHCPAP 60  
 PTPPKFPKE MSKTHAHTYI HTCTCAHTSC VTTGQGNASL RIPGPGPGVK GCSGTLPPNL 120  
 LGGPPSVGAG LGVCLDSQDL PRS 143

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241 :

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

SHTMHCKETK QLYRSGDASV YNTFMSRIRS RHQDLYTVAA AIGTMIQNIK YISIIYINTQL 60  
 GWGRMLGDLV SPAEGLGGRE GGGKGFLTFV LNDGSEGRRE MGKHSLSLTM CSHTHAQTKH 120  
 RHRRVSNSTL LIGKQAWDIP LQ 142

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242 :

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

RLVGPPLVLQ RLLRSGTLSS SANALASVLT MPSLWDRFSS SSTSSSPSSL PRTPTPDRPP 60  
 RSAWGSATRE EGFDRSTSLE SSDCESLDSS NSGFGPEEDT AYLDGVSLPD FELLSDPEDE 120  
 HLCANLMQLL QESLAQARLG SRRPARLLMP SQLVSQVGKE LLRLAYSEPC GLRGALLDVC 180  
 VEQKKSCHSV GQLALDPSLV PTFQLTLVLR LDSRLWPKIQ GLFSSANSPP LPGFSSQSLTL 240  
 STGFRVIKKK LYSSEQLLIE EC 262

50



## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243 :

- 5 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

20 GGGGGIVFPR KLIELCAGGC ALGTHTPQYC SMKQRLRGQQ GFQLDVCVAC TLLFLLLTVN 60  
 SGVTSREQLG CSRPSLAQGE GRGTCSSQEP EGGGRSEVVE VVCVSYWSEG TKCVCCFLCI 120  
 LFF 123

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244 :

- 25 (A) LÄNGE: 1211 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

40 IMAAQSSLYN DDRNLLRIRE KERRNQEAHQ EKEAFPEKIP LFGEPTYKTAK GDELSSRIQN 60  
 MLGNYEEVKE FLSTKSHTHR LDASENRLGK PKYPLIPDKG SSIPSSSFHT SVHHQSIHTP 120  
 ASGPLSVGNI SHNPKMAQPR TEPMPSLHAK SCGPPDSQHL TQDRLGQEGF GSSHKKKGDR 180  
 45 RADGDHCASV TDSAPERELS PLISLPSPVP PLSPIHSNQQ TLPRTQGSSK VHGSNNNSKG 240  
 YCPAKSPKDL AVKVHDKETP QDSLVAQAQF PSQTFPPPSL PSKSVAMQQK PTAYVRPMDG 300  
 QDQAPSESPE LKPLPEDYRQ QTFEKTDLVK PAKAKLTKLK MPSQSVEQTY SNEVHCVEEI 360  
 LKEMTHSWPP PLTAIHTPST AEPSKFPPFT KDSQHVSSVT QNQQYDTSS KTHSNSQQGT 420  
 SSMLEDDLQL SDESSEDSEQ TPEKPPSSA PPSAPQSLPE PVAHSSSA ESESTSDSDS 480  
 50 SSDSESESS SDSEENEPL TPAPEPEPPT TNKWQLDNWL TKVSQPAAPP EGPRSTPPR 540  
 RHPEKGSDD SATSQEHSES KDPPPKSSSK APRAPPEAPH PGKRSCQKSP AQQEPQRQT 600  
 VGTKQPKPV KASARAGSRT SLQGEREPGL LPYGSRDQTS KDKPKVKTG RPRAAASNEP 660  
 KPAVPPSSEK KKHKSSLPAP SKALSGPEPA KDNVEDRTPE HFALVPLTES QGPPHSGSGS 720  
 RTSGCRQAVV VQEDSRKDRL PLPLRDTKLL SPLRDTPPPQ SLMVKITLDL LSRIPOPPGK 780  
 55 GSRQRKAEDK QPPAGKKHSS EKRSSDSSSK LAKKRKGAE RDCDNKKIRL EKEIKSQSSS 840

SSSSHKESSK TKPSRPSSQS SKKEMPLPPP VSSSSQKPAK PALKRSRREA DTCGQDPPKS 900  
 ASSTKSNHKD SSIPKQRRVE GKGSRSSEH KGSSGDTANP FPVPSLPNGN SKPGKPQVKF 960  
 DKQQADLHMR EAKMKQKAE LMTDRVGKAF KYLEAVLSFI ECGIATESES QSSKSAYSVY1020  
 SETVDLIKFI MSLKSFSDAT APTQEKIFAV LCMRCQSILN MAMFRCKKDI AIKYSRTLNK1080  
 5 HFESSKVAQ APSPCIASSTG TPSPLSPMPS PASSVGSQSS AGSVGSSGVA ATISTPVTIQ1140  
 NMTSSYVTIT SHVLTAFDLW EQAEALTRKN KEFFARLSTN VCTLALNSSL VDLVHYTRQG1200  
 FQQLQELTKT P 1211

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245 :

10

- (A) LÄNGE: 323 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

GFPGLELPFG KEGTGKGFAV SPEEPLCSEE LLEFPFSTLL CLGMEESLWL LLVLLALLGG 60  
 SWPOVSASRL DLLSAGLAGF WEDEDTG GGGG SISFFEDCEE GLEGFVLEDS LWEDEDEDDC 120  
 DLISFSSLIF LLSQSLASAP FLFLANLLEL SELLFSELCE FPAGGCLSSA FLWRLPFPGG 180  
 30 WGIRESRSRV IFTIKLCGGG VSLSGESSLV SLKGNGLSL RLSSWTTTAW RQPLVLLPLP 240  
 LWGGPWLSVR GTRAKCSGVL SSTLSFAGSG PERALEGAGR ELLCFFFSLE GGTAGLGSLL 300  
 AAARGRPVFV TLGLSLEVWS REP 323

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246 :

35

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

DHPAEELGQS ICICHPRILT MKTLLLLAVI MIFGLLQAHG NLVNFHRMIK LTTGKEAALS 60  
 YGFYGCCHGV GGRGSPKDAT DRCCVTHDCC YKRLEKRGCG TKFLSYKFSN SGSRITCAKQ 120  
 DSCRSQCEC DKAAATCFAR NKTTYNKYQ YYSNKHCRGS TPRC 164  
 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247 :

- 5 (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

20 EREIQHWVEG FQGRGDSATR GAPSAVFIGI VLVLFIVGRL VSSKTGGSSL ITLTQLTSAG 60  
 VLFCTGDSAP RVAKLVAKKF GATSTFLQTF VATVMSDTAA IRCILGGSSA THATVAAVEA 120  
 ITECGFLSCR QLDHSVEIHQ IPMGLQ 146

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248 :

- 25 (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

40 ASMPSPQRAS TRVMLSGNVR CSCHRGPPPG KCLVSSGSRP QERVPCGALG AGPDHHQDPR 60  
 TVESVAACSA PLGKSFRHQP ATQFEQPRRL HPAKQARGY LRPWGFNPCS SVSVRQHTKS 120  
 KEIILFPQIP FLSDPLTAS ASFPSPSQAV FFFFF 155

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249 :

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:  
10 PRACGFAGWS LRGCSNWVAG WCLKLFPSGA LHAATDSTVL GSWWSGPAP SAPQGTLSG 60  
LDPLDTRHFP GGGPLWQLHL TFPLSITLVE ALCGLGMLAQ FSFPLLIKPP VPFL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250 :

15 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

EVLCPGKGXT TLELLXXCAD SKRKRGRKRX AAFSRAEHEG FRGSRVPAAV GYFKRxEQVS 60  
QNGFXQLEXG XLPRMAETVD TXRNGQRRYR TKDXALKSPA PSPPRPLIXK AKTALPAQSA 120  
ATLPARTQET PSAQMEXLPQ SETRVGGPXI RXASSRSXAQ CLLCHK 166

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251 :

40 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

PFRXVSTVSA IRGXIPXSSW XXPFWETCSX LLKYPTAAGT RLPLKPSCSA REKAAXLXPL 60  
 LFLLLSAXLX SNSNVVXPXP GQRTSHXQVA ADFSNASWRL MSFSTSSTLW PISRLDRYGS 120  
 CPSSQASXHT GVS 133

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252 :

- (A) LÄNGE: 251 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

PSSCPHWCSG LEFWRSASAG TAVMGATGAE AVVGVTTLVL VRGLQAFLDG LDLRQLHAHA 60  
 LPVHQCVQGL LHPSGRVAAQ ARAATGGVHP AGHPQAQGAS GATAAARLSH QLLAAHGGA 120  
 25 ARQLLLGAGR AVDGEVAQAR PGPGGQQQGG HEAEGQHGP EDWGAGAGRW AQAGSARRAG 180  
 ERRRAHGGTA WPSWRTRRR PRGDGAARRA NGDVAGEVSR RAGGEQAWPP RRCAASSARP 240  
 RQAAGGGEGQ GA 252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253 :

30

- (A) LÄNGE: 250 Aminosäuren  
 (B) TYP: Protein  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

SPLPLAAPRR LPGPGRGCGA APRRPGLLPS GTPANFFRYV PVRPPGRPVS PRPPGPGPPG 60  
 RPPGRAAVCPP PLARAPRAPR LRPAPRARAP VLGRSMLPLC LVAALLLAAG PGPSLGDEAI 120  
 HCPPCSEELK ARCRPPVGCE ELVREPGCGC CATCALGLGM PCGVYTPRCG SGLRCYPPRG 180  
 50 VEKPLHTLMH GQGVCMELAE IEAIQESLQP SDKDEGDHPN NSFSPCSAHD RSACRSTSPK 240  
 FETGAPVGAR 250

55

**Patentansprüche**

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,  
umfassend
  - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229.
  - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
  - oder
  - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID No. 1-3, 5-12, 16-26, 28, 29, 31, 33, 35-38, 40-42, 47, 49, 50, 52, 53, 59, 62, 64, 67, 69, 70, 78, 81, 83, 84, 85, 92, 96, 97, 218-229, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq ID No. 1-100, 218-229, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovamormalgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 35 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

- 5 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp aufweist.
- 10 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 40 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

- 5 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253.
- 15 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 in einem Phage Display Verfahren.
27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 30 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.
- 40 30. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229 in sense oder antisense Form.
- 45 31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 50 32. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq ID No. 104-217, 230-253, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.



33. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq ID No. 104-217, 230-253.
- 5 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 10 35. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 15 36. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq ID No. 1-100, 218-229.
- 20 37. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 25 38. Verwendung gemäß Anspruch 37, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 30 39. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.
40. Eine Nukleinsäuresequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1, 2, 4, 8, 9, 21, 24, 26, 29, 31, 36, 40, 42, 53, 60, 68, 72, 78, 80, 81, 82, 87, 89, und 100, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarnormalgewebe und gleichzeitig in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

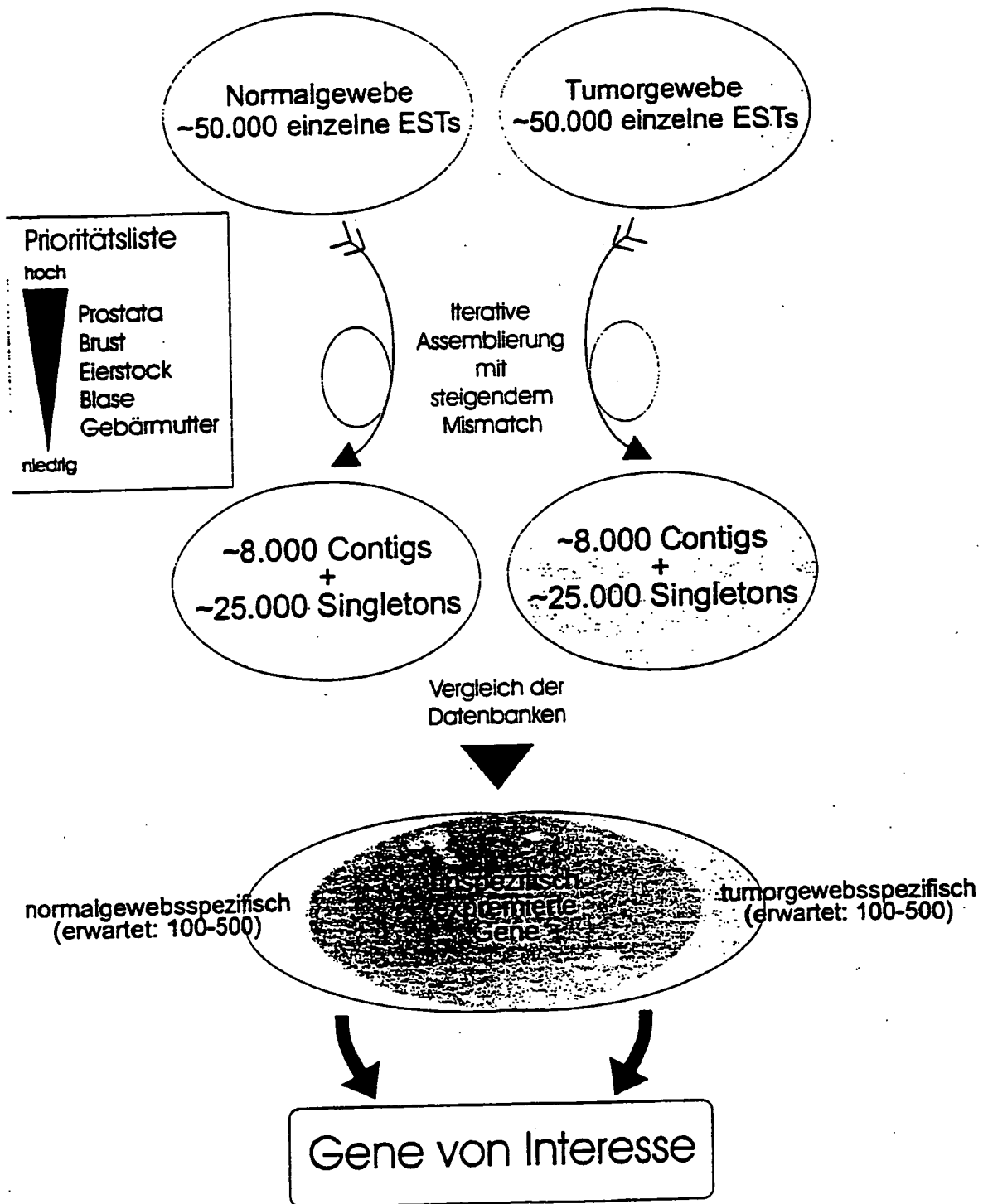


Fig. 1

# Prinzip der EST-Assemblierung

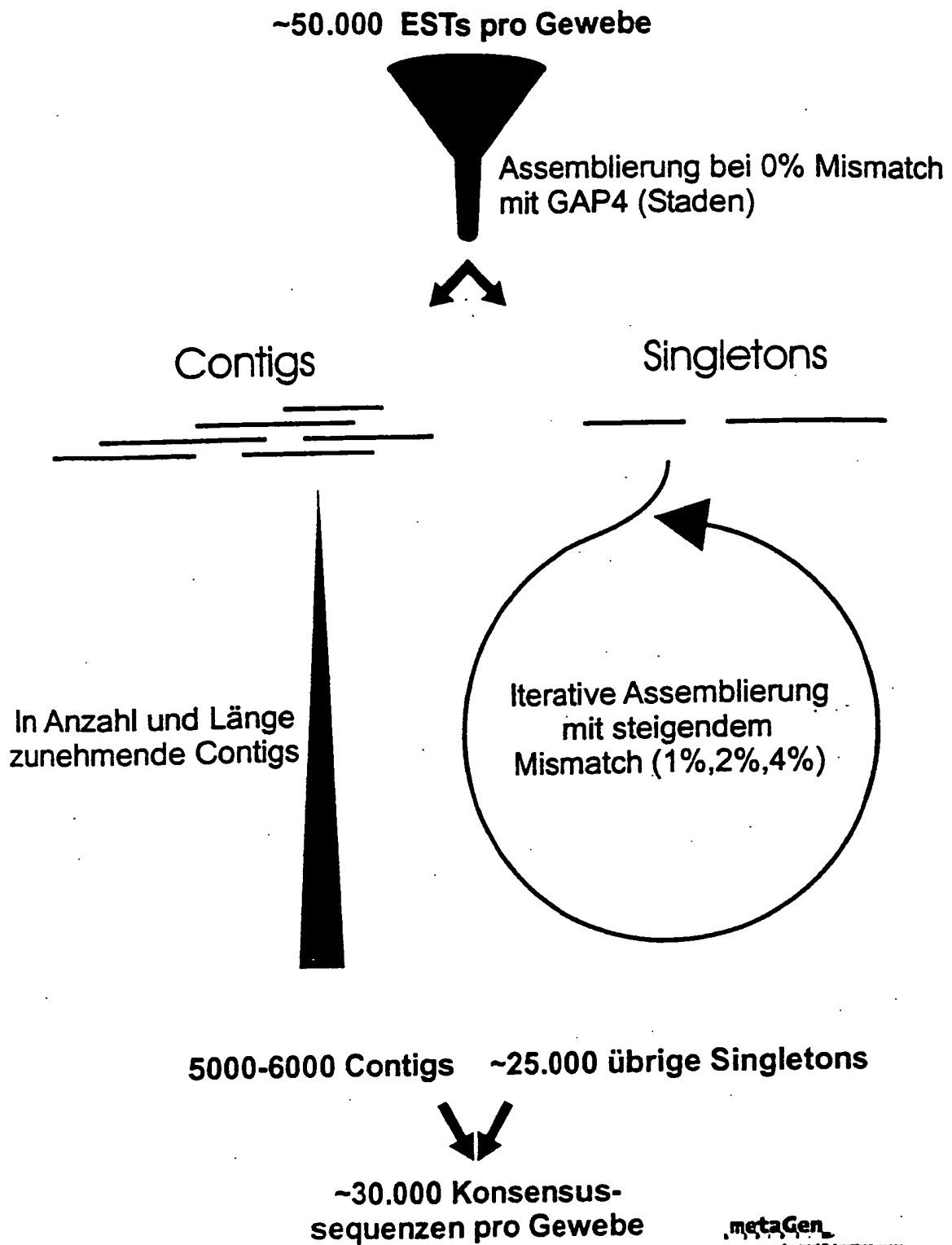


Fig. 2a

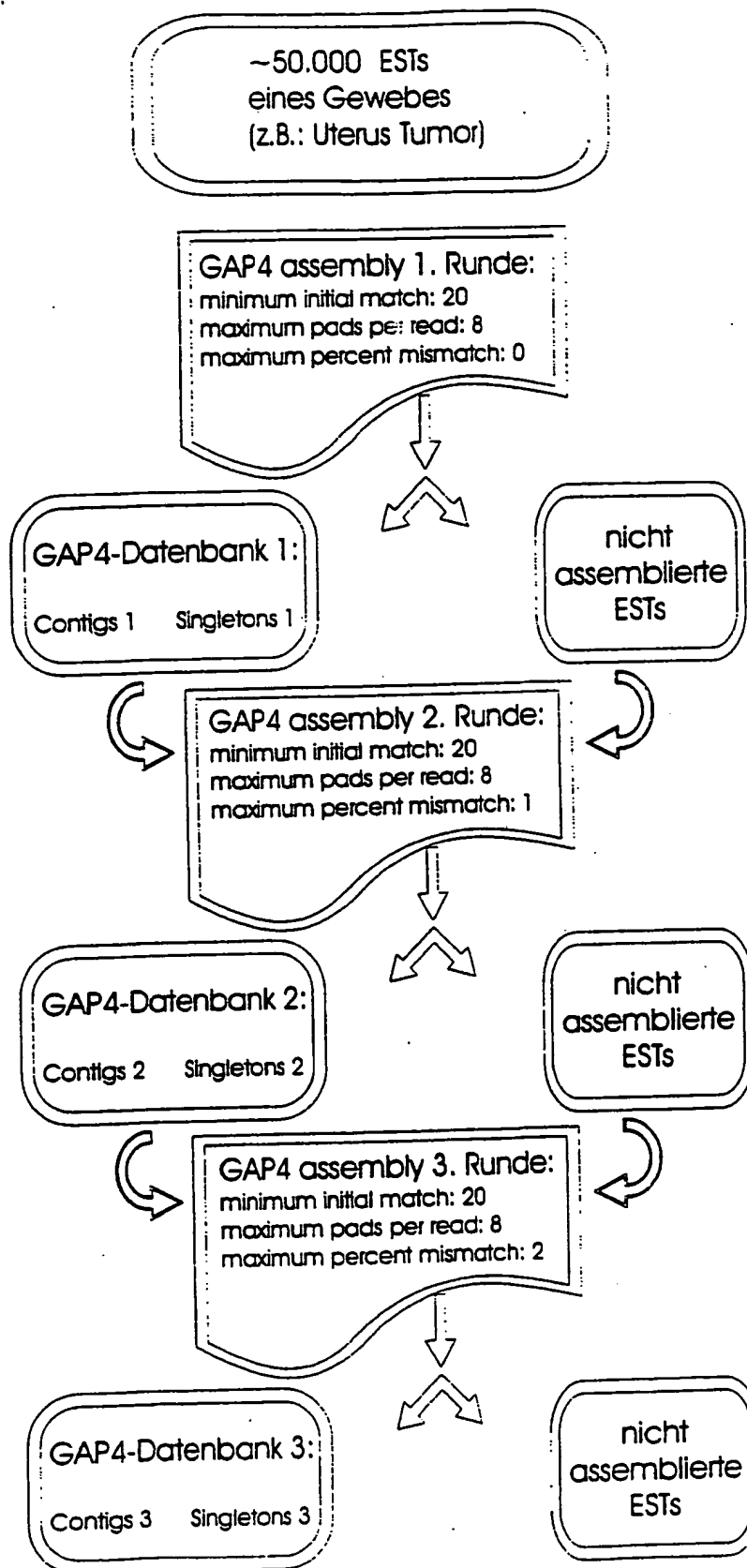


Fig. 2b1

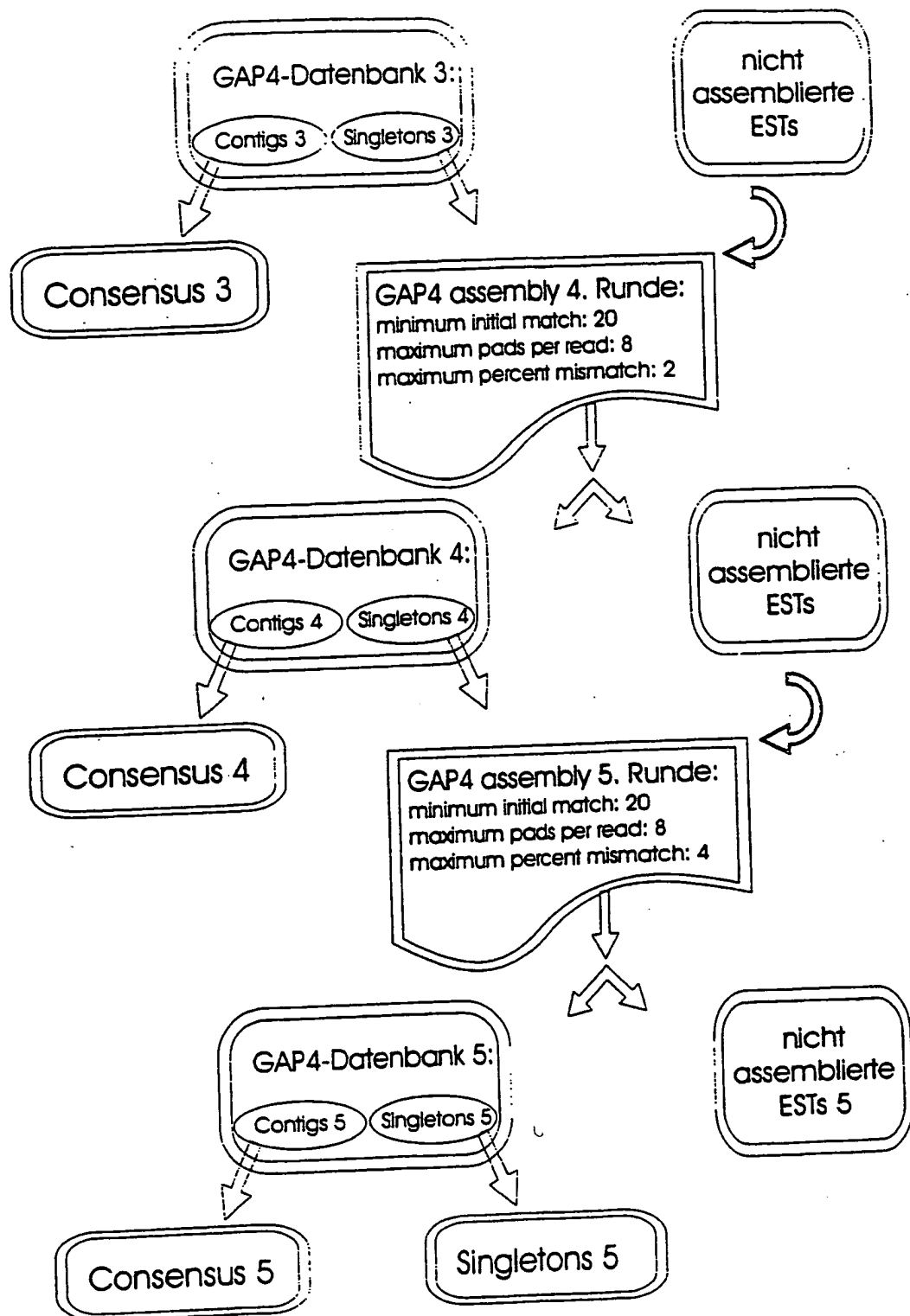


Fig. 2b2

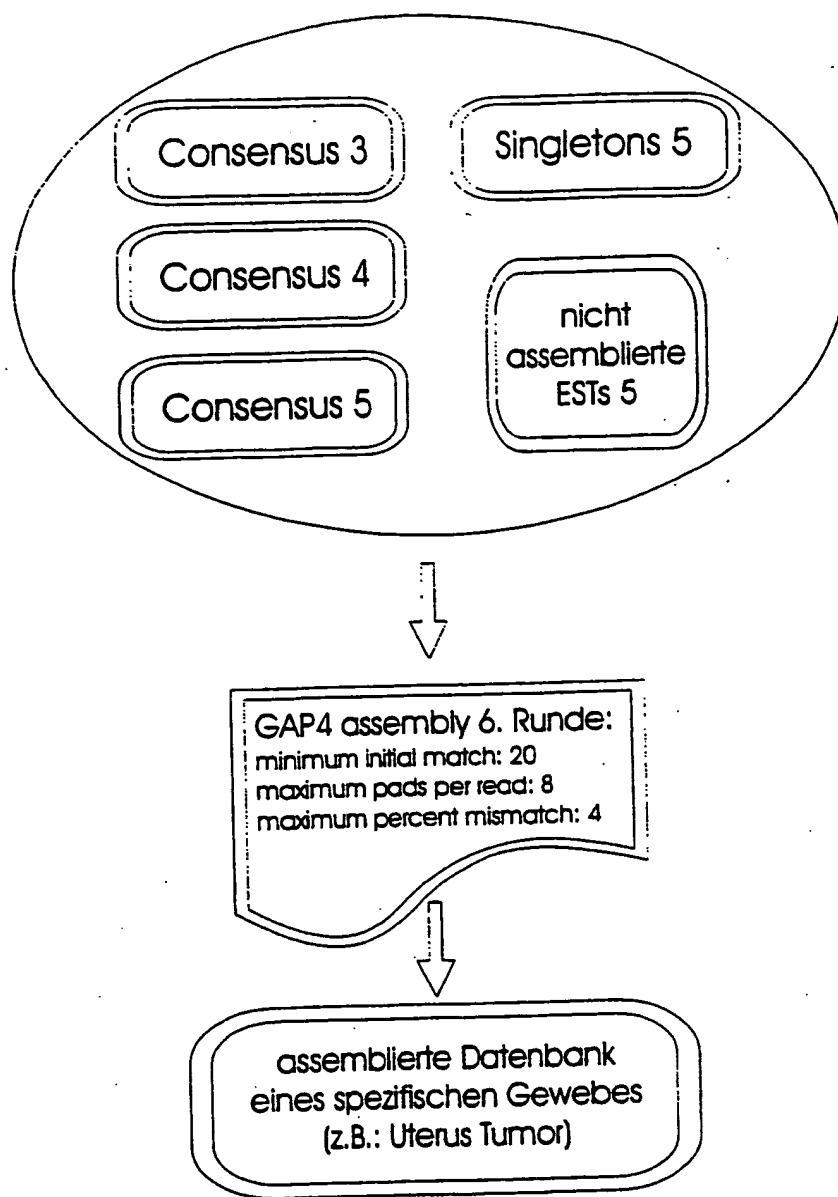


Fig. 2b3

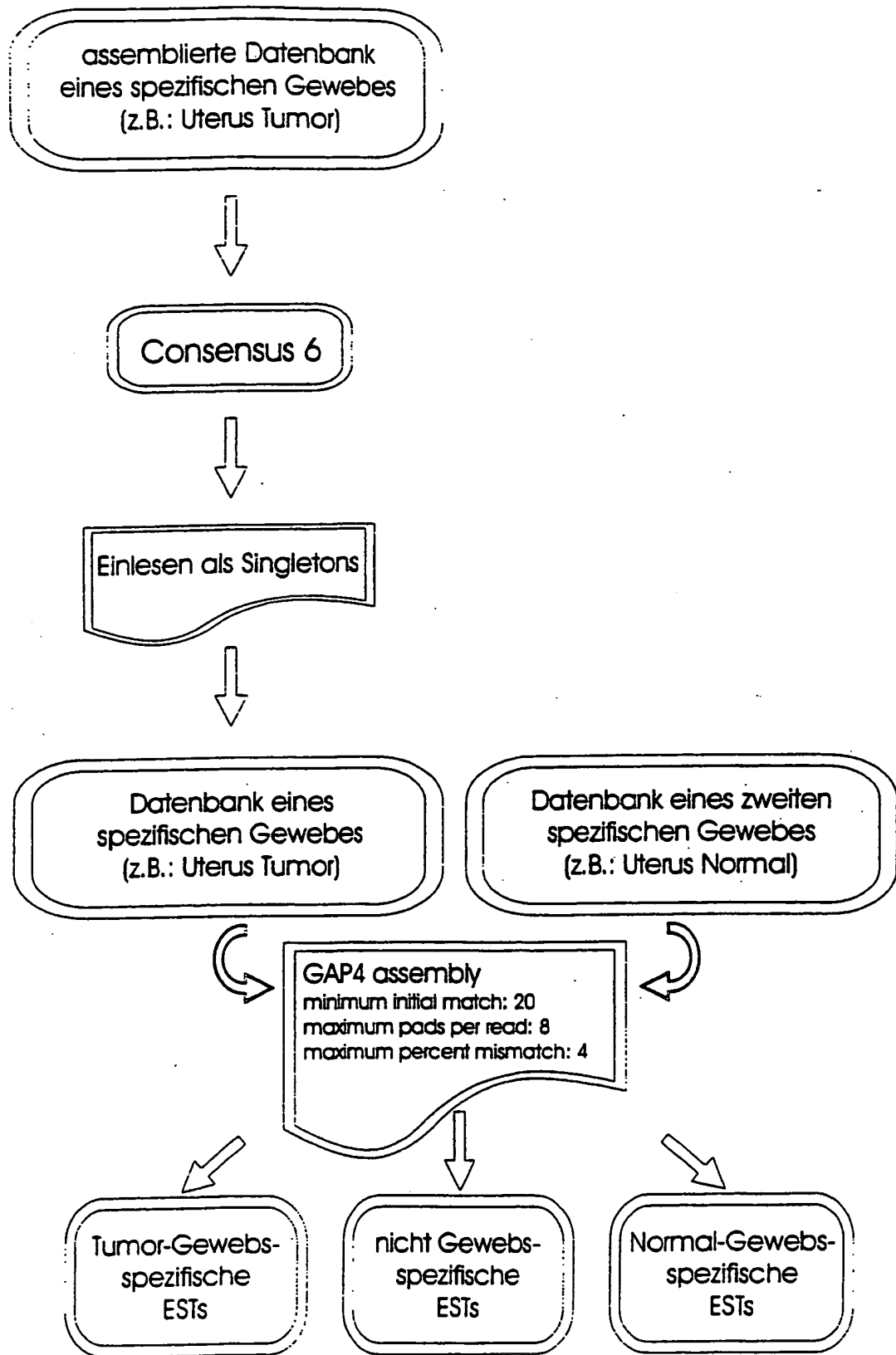


Fig. 2b4

# In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

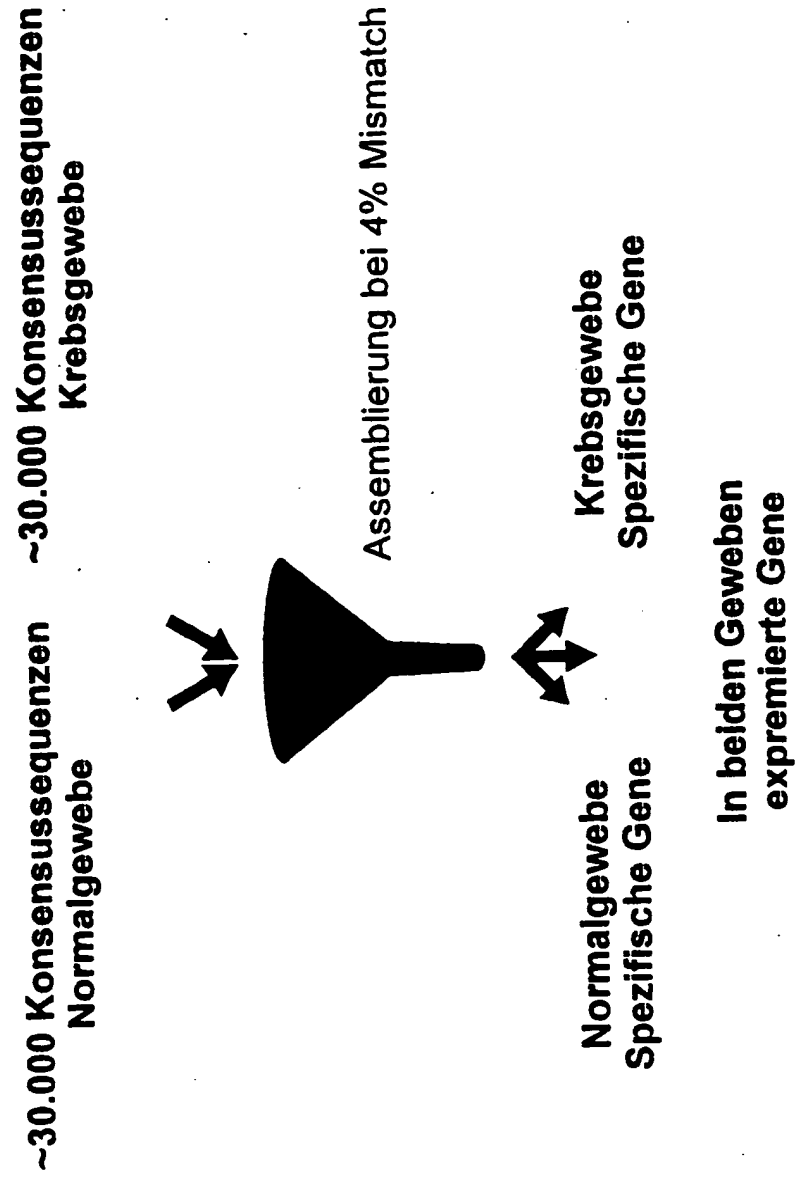


Fig. 3



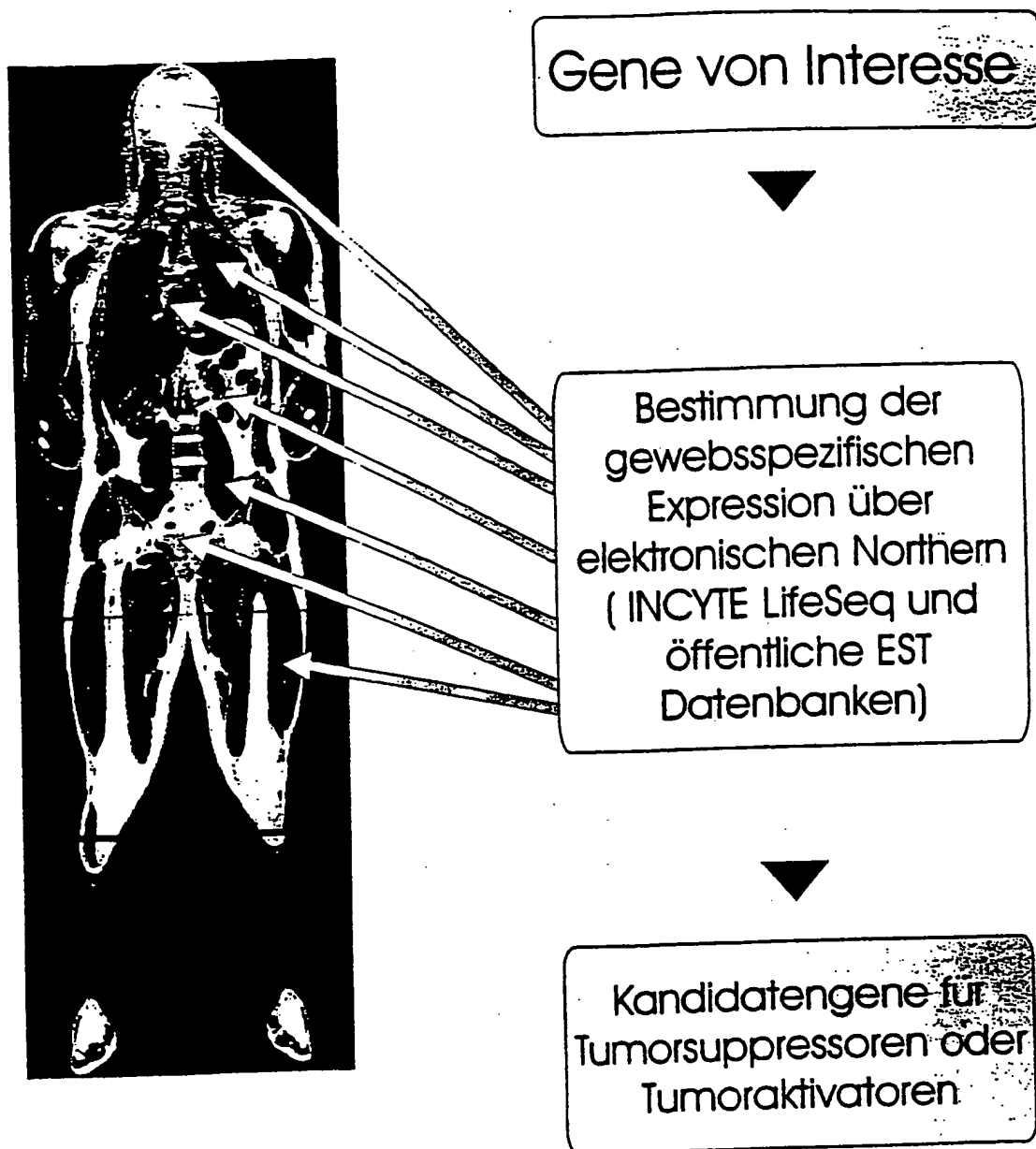


Fig. 4a

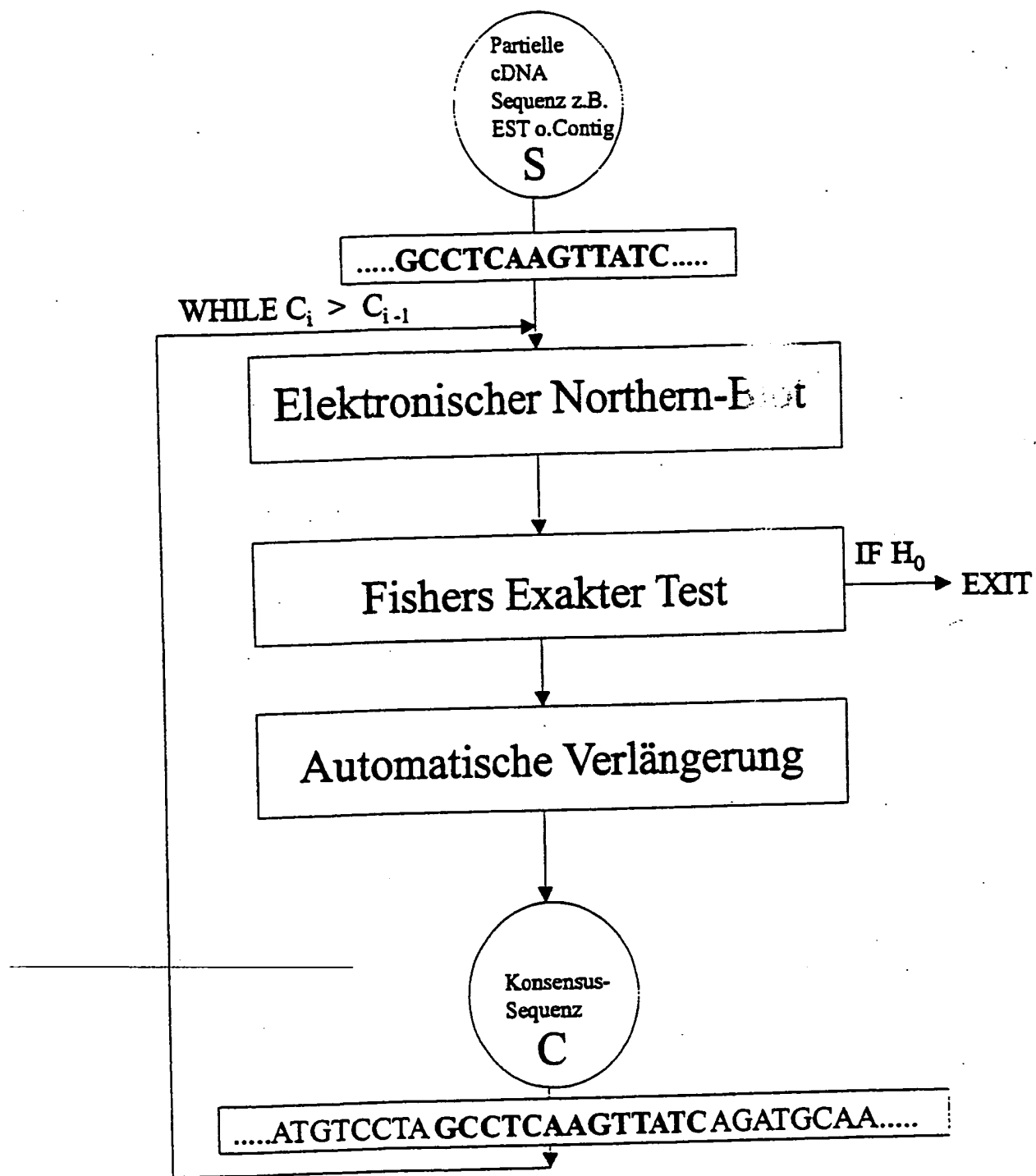


Fig. 4b

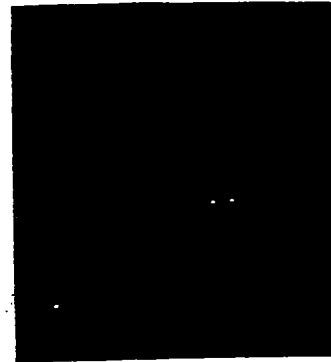
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

**PCT**  
 WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM  
 Internationales Büro  
 INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE  
 INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

|                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                    |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| (51) Internationale Patentklassifikation <sup>6</sup> :<br><b>C07K 14/335, 14/705, C12Q 1/68,<br/>                 C12N 15/10, G01N 33/574</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      | <b>A3</b>                                                                                                                                                                                                                                                                                                    | (11) Internationale Veröffentlichungsnummer: <b>WO 99/51727</b><br><br>(43) Internationales<br>Veröffentlichungsdatum: 14. Oktober 1999 (14.10.99) |
| (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01070<br><br>(22) Internationales Anmeldedatum: 31. März 1999 (31.03.99)<br><br>(30) Prioritätsdaten:<br>198 16 395.9      3. April 1998 (03.04.98)      DE<br><br>(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-<br>GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG<br>MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).<br><br>(72) Erfinder; und<br>(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE];<br>Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN,<br>Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE).<br>SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II,<br>D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE];<br>Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig<br>(DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse<br>6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE];<br>Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE). | (81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE,<br>CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC,<br>NL, PT, SE).<br><br>Veröffentlicht<br>Mit internationalem Recherchenbericht.<br><br>(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe-<br>richts: 6. Juli 2000 (06.07.00) |                                                                                                                                                    |
| (54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF NORMAL OVARY TISSUE<br><br>(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARNORMALGEWEBE<br><br>(57) Abstract<br><br>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genomic sequences – of normal ovary tissue, coding for genetic products or parts thereof. The invention also relates to the use thereof. The invention further relates to polypeptides that can be obtained using said sequences and to the use thereof.<br><br>(57) Zusammenfassung<br><br>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovarnormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.                                                           |                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |                                                                                                                                                    |

# **LEDIGLICH ZUR INFORMATION**

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

|    |                              |    |                             |    |                             |    |                        |
|----|------------------------------|----|-----------------------------|----|-----------------------------|----|------------------------|
| AL | Albanien                     | ES | Spanien                     | LS | Lesotho                     | SI | Slowenien              |
| AM | Armenien                     | FI | Finnland                    | LT | Litauen                     | SK | Slowakei               |
| AT | Österreich                   | FR | Frankreich                  | LU | Luxemburg                   | SN | Senegal                |
| AU | Australien                   | GA | Gabun                       | LV | Lettland                    | SZ | Swasiland              |
| AZ | Aserbaidshan                 | GB | Vereinigtes Königreich      | MC | Monaco                      | TD | Tschad                 |
| BA | Bosnien-Herzegowina          | GE | Georgien                    | MD | Republik Moldau             | TG | Togo                   |
| BB | Barbados                     | GH | Ghana                       | MG | Madagaskar                  | TJ | Tadschikistan          |
| BE | Belgien                      | GN | Guinea                      | MK | Die ehemalige jugoslawische | TM | Turkmenistan           |
| BF | Burkina Faso                 | GR | Griechenland                |    | Republik Mazedonien         | TR | Türkei                 |
| BG | Bulgarien                    | HU | Ungarn                      | ML | Mali                        | TT | Trinidad und Tobago    |
| BJ | Benin                        | IE | Irland                      | MN | Mongolei                    | UA | Ukraine                |
| BR | Brasilien                    | IL | Israel                      | MR | Mauretanien                 | UG | Uganda                 |
| BY | Belarus                      | IS | Island                      | MW | Malawi                      | US | Vereinigte Staaten von |
| CA | Kanada                       | IT | Italien                     | MX | Mexiko                      |    | Amerika                |
| CF | Zentralafrikanische Republik | JP | Japan                       | NE | Niger                       | UZ | Usbekistan             |
| CG | Kongo                        | KE | Kenia                       | NL | Niederlande                 | VN | Vietnam                |
| CH | Schweiz                      | KG | Kirgisistan                 | NO | Norwegen                    | YU | Jugoslawien            |
| CI | Côte d'Ivoire                | KP | Demokratische Volksrepublik | NZ | Neuseeland                  | ZW | Zimbabwe               |
| CM | Kamerun                      |    | Korea                       | PL | Polen                       |    |                        |
| CN | China                        | KR | Republik Korea              | PT | Portugal                    |    |                        |
| CU | Kuba                         | KZ | Kasachstan                  | RO | Rumänien                    |    |                        |
| CZ | Tschechische Republik        | LC | St. Lucia                   | RU | Russische Föderation        |    |                        |
| DE | Deutschland                  | LI | Liechtenstein               | SD | Sudan                       |    |                        |
| DK | Dänemark                     | LK | Sri Lanka                   | SE | Schweden                    |    |                        |
| EE | Estland                      | LR | Liberia                     | SG | Singapur                    |    |                        |

# INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01070

## A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

## B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C07K C12Q C12N G01N

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

## C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

| Category | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   | Relevant to claim No. |
|----------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|
| X        | <p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]<br/>           IC,AC AF034582,<br/>           14 November 1997 (1997-11-14)<br/>           SHUGRUE, C.A. ET AL.: "Rattus norvegicus<br/>           vesicle associated protein (VAP1) mRNA"<br/>           XP002128356<br/>           abstract<br/>           &amp; SHUGRUE ET AL.: "Antibodies to an<br/>           epitope on synapsin I ..."<br/>           EUR. J. CELL BIOL.,<br/>           vol. 65, no. (2), 1994, pages 327-340,<br/>           ---<br/>           -/--</p> | 1                     |

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☐ Patent family members are listed in annex.

### \* Special categories of cited documents :

\*A\* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

\*E\* earlier document but published on or after the international filing date

\*L\* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

\*O\* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

\*P\* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

\*T\* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

\*X\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

\*Y\* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

\*G\* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

21 January 2000

Date of mailing of the international search report

7 April 2000 (07.04.00)

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

HERMANN R.

## INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/DE 99/01070

| C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT |                                                                                                                                                                                                                                                  |                       |
|------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------|
| Category                                             | Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages                                                                                                                                                               | Relevant to claim No. |
| A                                                    | <p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]<br/> ID HS1291270; AC AA496329,<br/> 3 July 1997 (1997-07-03)<br/> HILLIER, L. ET AL.: "Soares ovary tumor<br/> NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755776<br/> (EST)"<br/> XP002128357<br/> abstract</p> <p>---</p> | 1                     |
| A                                                    | <p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]<br/> ID HSZ78309; AC Z78309,<br/> 16 August 1996 (1996-08-16)<br/> MASSART, C. ET AL.: "H. Sapiens mRNA (EST;<br/> from fetal brain)"<br/> XP002128358<br/> abstract</p> <p>---</p>                            | 1                     |
| Y                                                    | <p>HENRIKSEN, R. ET AL.: "Expression and<br/> prognostik significance of TGF-beta<br/> isotypes ..."<br/> LABORATORY INVESTIGATION,<br/> vol. 73, no. 2, 1995, pages 213-220,<br/> XP002128353<br/> abstract</p> <p>---</p>                      | 1-40                  |
| Y                                                    | <p>HIRTE, H.W. ET AL.: "Differntial display<br/> of mRNA ..."<br/> PROC. AM. ASS. CANCER RES.,<br/> vol. 36, no. 0, 1995, page 184 XP002128354<br/> abstract</p> <p>---</p>                                                                      | 1-40                  |
| Y                                                    | <p>YU, Y.H. ET AL.: "Differntial display of<br/> genes expressed in normal ovarian surface<br/> epithelium ..."<br/> PROC. AM ASS. CANCER RES.,<br/> vol. 37, no. 0, 1997, page 592 XP002074635<br/> abstract</p> <p>---</p>                     | 1-40                  |
| Y                                                    | <p>MOK, S.C. ET AL.: "Molecular cloning of<br/> differentially expressed genes in human<br/> epithelial ovarian cancer"<br/> GYNECOLOGIC ONCOLOGY,<br/> vol. 52, 1994, pages 247-252, XP002128355<br/> abstract</p> <p>---</p>                   | 1-40                  |
| Y                                                    | <p>YU, W. ET AL.: "Large-scale concatenation<br/> cDNA sequencing"<br/> GENOME RESEARCH,<br/> vol. 7, 1997, pages 353-358, XP002128368<br/> abstract</p> <p>-----</p>                                                                            | 1-40                  |

**Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)**

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
  
2. ☐ Claims Nos.:  
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
  
3. ☐ Claims Nos.:  
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

**Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)**

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

see extra sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
  
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:  
1-40, all in part.

**Remark on Protest**

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.  
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.



## ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims Nos. 1-40, all in part

Nucleic acid sequence with SEQ ID NO. 1, variants thereof and complementary sequences ;  
polypeptide partial sequences coded thereby ; use thereof, etc.

2. Claims Nos. 1-40, all in part

INVENTIONS 2-112

Nucleic acid sequence with SEQ ID NO. 2-104 and 218-229, variants thereof and  
complementary sequences ; polypeptide partial sequences coded thereby ; use thereof, etc.

# INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01070

## A. KLASSTIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

## B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C07K C12Q C12N G01N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

## C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

| Kategorie* | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            | Betr. Anspruch Nr. |
|------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|
| X          | <p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]<br/>           IC, AC AF034582,<br/>           14. November 1997 (1997-11-14)<br/>           SHUGRUE, C.A. ET AL.: "Rattus norvegicus<br/>           vesicle associated protein (VAP1) mRNA"<br/>           XP002128356<br/>           Zusammenfassung<br/>           &amp; SHUGRUE ET AL.: "Antibodies to an<br/>           epitope on synapsin I ..."<br/>           EUR. J. CELL BIOL.,<br/>           Bd. 65, Nr. (2), 1994, Seiten 327-340,<br/>           ---<br/>           -/--</p> | 1                  |

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☐ Siehe Anhang Patentfamilie

\* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

21. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

7. April 2000 (07.04.00)

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2  
 NL - 2280 HV Rijswijk  
 Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,  
 Fax: (+31-70) 340-3016

Bevollmächtigter Bediensteter

HERMANN R.

## C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

| Kategorie* | Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile                                                                                                                                                       | Betr. Anspruch Nr. |
|------------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------|
| A          | <p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]<br/> ID HS1291270; AC AA496329,<br/> 3. Juli 1997 (1997-07-03)<br/> HILLIER, L. ET AL.: "Soares ovary tumor<br/> NbHOT Homo sapiens cDNA clone 755776<br/> (EST)"<br/> XP002128357<br/> Zusammenfassung</p> <p>---</p> | 1                  |
| A          | <p>DATABASE EMBL/GENBANK [Online]<br/> ID HSZ78309; AC Z78309,<br/> 16. August 1996 (1996-08-16)<br/> MASSART, C. ET AL.: "H. Sapiens mRNA (EST;<br/> from fetal brain)"<br/> XP002128358<br/> Zusammenfassung</p> <p>---</p>                            | 1                  |
| Y          | <p>HENRIKSEN, R. ET AL.: "Expression and<br/> prognostik significance of TGF-beta<br/> isotypes ..."<br/> LABORATORY INVESTIGATION,<br/> Bd. 73, Nr. 2, 1995, Seiten 213-220,<br/> XP002128353<br/> Zusammenfassung</p> <p>---</p>                       | 1-40               |
| Y          | <p>HIRTE, P.W. ET AL.: "Differential display<br/> of mRNA ..."<br/> PROC. AM. ASS. CANCER RES.,<br/> Bd. 36, Nr. 0, 1995, Seite 184 XP002128354<br/> Zusammenfassung</p> <p>---</p>                                                                      | 1-40               |
| Y          | <p>YU, Y.H. ET AL.: "Differential display of<br/> genes expressed in normal ovarian surface<br/> epithelium ..."<br/> PROC. AM ASS. CANCER RES.,<br/> Bd. 37, Nr. 0, 1997, Seite 592 XP002074635<br/> Zusammenfassung</p> <p>---</p>                     | 1-40               |
| Y          | <p>MOK, S.C. ET AL.: "Molecular cloning of<br/> differentially expressed genes in human<br/> epithelial ovarian cancer"<br/> GYNECOLOGIC ONCOLOGY,<br/> Bd. 52, 1994, Seiten 247-252, XP002128355<br/> Zusammenfassung</p> <p>---</p>                    | 1-40               |
| Y          | <p>YU, W. ET AL.: "Large-scale concatenation<br/> cDNA sequencing"<br/> GENOME RESEARCH,<br/> Bd. 7, 1997, Seiten 353-358, XP002128368<br/> Zusammenfassung</p> <p>-----</p>                                                                             | 1-40               |

**Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)**

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich
2. ☐ Ansprüche Nr.  
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
3. ☐ Ansprüche Nr.  
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

**Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)**

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

1 - 40, alle teilweise

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

- ☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.
- ☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

## WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

## 1. Ansprüche: 1-40, alle teilweise

Nukleinsäure-Sequenz mit SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.

## 2. Ansprüche: 1-40, alle teilweise

## ERFINDUNGEN 2-112:

Nukleinsäure-Sequenz mit SEQ ID NO 2-104 und 218-229, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid- Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.